



# BREVET D'INVENTION

CERTIFICAT D'UTILITÉ - CERTIFICAT D'ADDITION

## COPIE OFFICIELLE

Le Directeur général de l'Institut national de la propriété industrielle certifie que le document ci-annexé est la copie certifiée conforme d'une demande de titre de propriété industrielle déposée à l'Institut.

Fait à Paris, le 11 MARS 2005

Pour le Directeur général de l'Institut  
national de la propriété industrielle  
Le Chef du Département des brevets

Martine PLANCHE

INSTITUT  
NATIONAL DE  
LA PROPRIÉTÉ  
INDUSTRIELLE

SIEGE  
26 bis, rue de Saint-Petersbourg  
75800 PARIS cedex 08  
Téléphone : 33 (0)1 53 04 53 04  
Télécopie : 33 (0)1 53 04 45 23  
[www.inpi.fr](http://www.inpi.fr)

**This Page Blank (uspto)**



INSTITUT  
NATIONAL DE  
LA PROPRIÉTÉ  
INDUSTRIELLE

3 AVRIL 2002

26bis, rue de Saint-Petersbourg  
75000 Paris Cedex 08

Téléphone: 01 53.04.50.00 Fax: 01.42.94.86.54


# BREVET D'INVENTION

Code de la propriété intellectuelle-livre VI

REQUÊTE EN DÉLIVRANCE

DATE DE REMISE DES PIÈCES: 03/04/02 N° D'ENREGISTREMENT NATIONAL: 0204166 DÉPARTEMENT DE DÉPÔT: DATE DE DÉPÔT: 75 - 3 AVR. 2002	Chantal PEAUCELLE Cabinet ARMENGAUD AINE 3, Avenue Bugeaud 75116 PARIS France
Vos références pour ce dossier: CP60639-1515	

<b>1 NATURE DE LA DEMANDE</b>			
Demande de brevet			
<b>2 TITRE DE L'INVENTION</b>			
		MOYENS POUR IDENTIFIER DES GENES SPECIFIQUES DE NEISSERIA MENINGITIDIS	
<b>3 DECLARATION DE PRIORITE OU REQUETE DU BENEFICE DE LA DATE DE DEPOT D'UNE DEMANDE ANTERIEURE FRANCAISE</b>		Pays ou organisation	Date N°
Priorité N° 1		France	31 déc. 2001 0117088
<b>4-1 DEMANDEUR</b>			
Nom		INSTITUT NATIONAL DE LA SANTE ET DE LA RECHERCHE MEDICALE (I.N.S.E.R.M.)	
Rue		101, rue de Tolbiac	
Code postal et ville		75654 PARIS CEDEX 13	
Pays		France	
Nationalité		France	
Forme juridique		Etablissement public	
N° de téléphone		01-44-23-60-34	
N° de télécopie		01-45-85-07-66	
Courrier électronique		daumas@tolbiac.inserm.fr	
<b>5A MANDATAIRE</b>			
Nom		PEAUCELLE	
Prénom		Chantal	
Qualité		CPI: 92-1189	
Cabinet ou Société		Cabinet ARMENGAUD AINE	
Rue		3, Avenue Bugeaud	
Code postal et ville		75116 PARIS	
N° de téléphone		01-45-53-05-50	
N° de télécopie		01-45-53-80-21	
Courrier électronique		armengau@club-internet.fr	

6 DOCUMENTS ET FICHIERS JOINTS		Fichier électronique	Pages	Détails
Description		desc.pdf	8	
Revendications		V	2	10
Dessins			163	24 fig., 3 ex.
Abrégé		V	1	
Listage des sequences, PDF				
Rapport de recherche				
Chèque			1 doc.	0002137
Doc. de priorité. 1				FR 0117088
<b>7 MODE DE PAIEMENT</b>				
Mode de paiement	Remise d'un chèque			
Numéro de chèque	0002137			
Remboursement à effectuer sur le compte n°	036			
<b>8 RAPPORT DE RECHERCHE</b>				
Etablissement immédiat				
<b>9 REDEVANCES JOINTES</b>	Devise	Taux	Quantité	Montant à payer
062 Dépôt	EURO	35.00	1.00	35.00
063 Rapport de recherche (R.R.)	EURO	320.00	1.00	320.00
064 Déclaration d'un droit de priorité	EURO	15.00	1.00	15.00
Total à acquitter	EURO			370.00
<b>10 SIGNATURE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE</b>				
Signé par	Chantal PEAUCELLE			
				

La loi n°78-17 du 6 janvier 1978 relative à l'informatique aux fichiers et aux libertés s'applique aux réponses faites à ce formulaire. Elle garantit un droit d'accès et de rectification pour les données vous concernant auprès de l'INPI.

## Moyens pour identifier des gènes spécifiques de *Neisseria meningitidis*.

L'invention se rapporte à des moyens pour identifier des gènes spécifiques de *Neisseria meningitidis* (Nm en abrégé). Elle concerne également ces gènes et leurs applications biologiques.

Nm est une bactérie strictement humaine qui ne survit pas dans le milieu extérieur. Son seul réservoir connu est le nasopharynx de l'homme. Dans certaines circonstances méconnues à ce jour, cette bactérie va quitter le nasopharynx, envahir le sang circulant et être responsable de septicémies et/ou de méningites. L'existence d'une méningite suppose que la bactérie franchisse la barrière hémato-encéphalique, une des barrières les plus infranchissables de l'organisme. *Neisseria meningitidis* est une bactérie à multiplication extra-cellulaire, c'est à dire qu'*in vivo* sa dissémination s'accompagne d'une multiplication dans le secteur interstitiel. Très peu de bactéries à multiplication extra-cellulaire sont capables de franchir la barrière hémato-encéphalique après la période néonatale, il s'agit essentiellement de *Streptococcus pneumoniae*, *Haemophilus influenzae* et *Neisseria meningitidis*. Cette propriété suppose donc des attributs spécifiques qui permettent à ces microorganismes de franchir cette barrière.

*Neisseria meningitidis* présente deux spécificités pour une bactérie à multiplication extra-cellulaire :

(i) Elle est responsable de bactériémies importantes avec un nombre élevé de bactéries dans le sang. Ainsi, la comparaison, dans un modèle animal utilisant le rat nouveau né, du niveau de bactériémie induite par l'injection du même nombre de bactéries appartenant à deux espèces différentes (*Neisseria meningitidis* et *Klebsiella pneumoniae*) montre que *N.meningitidis* induit une bactériémie qui peut être 50-100 fois plus importante que celle induite par *K.pneumoniae*. Ceci souligne la parfaite adaptation de *N.meningitidis* à la croissance dans le secteur extra-cellulaire. Certains attributs bactériens ont déjà été identifiés comme participant à cette croissance extra-cellulaire. Il s'agit essentiellement de la capsule polysaccharidique, du lipo-oligosaccharide et des systèmes de captation du fer. Les deux premiers attributs permettent la résistance au complément et à la phagocytose par les polynucléaires et la troisième attribut permet à la bactérie de se procurer le fer essentiel à sa croissance.

(ii) La deuxième particularité de *N.meningitidis* est liée à sa capacité à franchir la barrière hémato-encéphalique. Cette propriété résulte d'une interaction avec les cellules endothéliales cérébrales. Le seul attribut bactérien identifié à ce jour comme étant impliqué dans l'interaction de *N.meningitidis* au niveau de l'endothélium cérébral sont les pili de type IV. Une molécule faisant partie de ces pili appelée PilC, impliquée dans cette interaction, est l'adhésine des pili.

Les travaux des inventeurs ont porté sur la recherche de moyens permettant d'identifier les gènes de Nm capables de croître spécifiquement dans le sérum et de franchir la barrière hémato-encéphalique.

L'application à Nm de la technique décrite par Pelicic et al, 2000 pour construire une banque de mutants a permis de mutagéniser plus de 70% des gènes mutagénisables et donc non essentiels.

Cet outil s'est révélé particulièrement précieux pour détecter de façon exhaustive l'ensemble des mutants pour un phénotype donné, par exemple ceux importants pour la croissance dans le sérum, et pour identifier des adhésines importantes pour l'interaction avec les cellules endothéliales et donc le passage de la barrière hémato-encéphalique, et ce sans nécessairement tester les mutants individuellement pour ce phénotype.

L'invention a donc pour but l'utilisation d'une telle banque pour détecter des gènes de Nm exprimant un phénotype particulier.

Elle vise également les gènes impliqués dans un tel phénotype.

L'invention a également pour but, la mise à profit des gènes ainsi identifiés comme cibles pour l'antipathogénicité de Nm.

Elle vise aussi l'utilisation des gènes codant pour des adhésines pour permettre le passage de la barrière hémato-encéphalique à des principes thérapeutiques.

L'invention vise en outre les gènes essentiels de *N.meningitidis*, et leurs homologues dans les autres espèces bactériennes et leur utilisation comme cibles pour développer des antibiotiques.

Conformément à l'invention, on détecte des gènes de bactéries pathogènes, en particulier de Nm, exprimant un phénotype recherché, selon un procédé caractérisé en ce que

- on utilise une banque de mutants générée à partir d'une souche bactérienne donnée de manière à ce qu'au moins 70% des gènes non essentiels, et notamment au moins 80%,

voire plus de 90%, soient mutagénisés par insertion d'un transposon dans une phase de lecture,

- on met ensuite en contact les mutants, soit individuellement, soit en pools, avec un environnement, tel que milieu, animal ou cellules, capable d'interagir avec les bactéries

5 mutantes exprimant le phénotype recherché,

- on récupère, dans le cas de l'utilisation de pools, les bactéries n'ayant pas interagi avec le phénotype recherché,

- on identifie les gènes mutés de ces bactéries et on vérifie leur implication dans ledit phénotype.

10

La banque de mutants est avantageusement générée selon la méthode décrite par Pelicic et al ci-dessus.

L'étape de la mise en contact est réalisée par passage sur du sérum, ou un modèle animal *in vivo* ou des cellules capables de réagir avec les bactéries exprimant le phénotype  
15 recherché et, dans le cas de l'utilisation de pools de mutants, on récupère les bactéries n'ayant pas interagi avec le phénotype recherché.

Pour identifier les gènes mutés de ces bactéries, et vérifier leur implication dans ledit phénotype, on organise les mutants en pools. Pour chaque mutant, on amplifie à l'aide d'oligonucléotides appropriés les sites d'insertions. On dépose les produits d'amplification sur  
20 une membrane par exemple en nylon. Les pools de mutants sont placés dans des conditions pour lesquelles des mutants sont recherchés. De l'ADN total est préparé à l'aide des bactéries obtenues de chaque pool de sortie et une amplification est réalisée à l'aide des oligonucléotides qui ont servi à amplifier les sites d'insertion dans les mutants du pool. Le produit d'amplification sert ensuite à hybrider les membranes qui correspondent à chaque  
25 pool. Les mutants pour lesquels aucune amplification n'est détectée sont des mutants pour le phénotype considéré. On observera que cette technique permet de conserver les mutants en question, permettant de retransformer chaque mutation pour confirmer le phénotype.

L'invention vise également les gènes conférant à une bactérie la capacité de croître ou d'interagir avec un environnement donné tel que sérum, modèle animal *in vivo*, cellules.

30 Ces gènes sont caractérisés en ce qu'ils sont susceptibles d'être obtenus par le procédé défini ci-dessus.

L'invention vise en particulier les gènes impliqués dans la croissance des bactéries dans le sérum, choisis parmi les gènes de la figure 3, identifiés par rapport au numéro du pool de mutants de la figure 2.

L'invention vise tout spécialement, en tant que nouveaux produits, les gènes Nm 83 dxr, Nm 229, Nm 356, Nm 848 galU et les gènes du séro groupe B, Nm 1771 et Nm B65.

L'invention vise également l'application des gènes sélectionnés par rapport au phénotype de croissance dans le sérum, comme cibles d'antipathogénicité, consistant à inhiber  
5 la croissance de Nm *in vivo* dans le sérum.

D'autres gènes de grand intérêt selon l'invention sont caractérisés en ce qu'ils sont impliqués dans l'interaction avec les cellules endothéliales.

L'invention vise donc également l'application de ces gènes pour permettre l'ouverture de la barrière hémato-encéphalique à des principes thérapeutiques, tels que les anti-  
10 Parkinsoniens, anti-Alzheimer, antimitotiques, anti-sclérose en plaque, antiviraux, antimycotiques et antibiotiques.

L'invention vise en outre les gènes essentiels de Nm pour lesquels aucun mutant n'est présent dans la banque et l'application de ces gènes comme cibles pour développer des antibiotiques.

15 D'autres caractéristiques et avantages de l'invention sont donnés dans les exemples qui suivent et en se référant aux figures 1 à 24 qui représentent :

- la figure 1, la liste des gènes présentant dans les 2 souches séquencées de Nm plus de 65% de similarité sur une base protéique,
- la figure 2A, la liste des gènes pour lesquels il existe un mutant dans la banque et la figure  
20 2B la liste des mutants classés en 96 pools de 48 mutants,
- la figure 3, la liste des mutants altérés dans la croissance dans le sérum, et
- les figures 4 à 24, les courbes de croissance dans le sérum complémenté et le sérum décomplémenté des mutants de la figure 3.

25 • Construction d'une banque de mutants de Nm 8013

1. On construit une banque de mutants à partir de la souche de *N.meningitidis* 8013 de séro groupe C. On opère selon la technique décrite par Pelicic et al, *Journal of Bacteriology*, 2000, 182:5391-5398. On obtient une banque ordonnée de 4547 mutants.

30 Statistiquement 80% des insertions sont dans des phases ouvertes de lecture puisqu'il s'agit du % de régions codantes dans le génome des 2 souches séquencées, à savoir Z2491, souche de séro groupe A séquencée par le Sanger Center, et MC58, souche de séro groupe B séquencée par TIGR. On dispose donc d'environ 3600 mutants dans des phases ouvertes de lecture et dans la plupart des cas, de plusieurs insertions par gène. Compte tenu de la taille du génome, la mutagenèse concerne donc 93% des gènes mutagénisables.



La formule statistique permettant de calculer la probabilité (P) qu'un gène sera muté est la suivante:

$$P=1 - e^{-n/p}$$

n: nombre de mutants dans la banque

5 p: nombre de gènes mutagénisables (non-essentiels)

Le deuxième nombre ne peut être qu'estimé. Mais d'après des études chez des bactéries mieux caractérisées que *Neisseria meningitidis*, il est raisonnable d'estimer que 350 gènes sont essentiels à la survie de la bactérie. En conséquence, il y aurait 1750 gènes non-essentiels chez le méningocoque dont 92,6 % (1619) devraient être mutés dans la banque.

10

2. L'ensemble des insertions de cette banque est séquencé selon la technique utilisée pour le séquençage des insertions, déjà décrite et publiée (Prod'hom *et al.* 1998. FEMS Microbiol Lett. 1858: 75-81). Cette technique utilise une amorce spécifique pour la séquence connue, dans ce cas le transposon, et une deuxième amorce spécifique d'un linker synthétique  
15 ligué à l'ADN génomique réduit. L'utilisation de l'AmpliTaq Gold polymérase Perkin-Elmer est importante pour minimiser une hybridation non spécifique des amorces.

#### • Détermination des gènes essentiels.

Un gène essentiel ne peut pas être présent que dans une seule souche. On considère,  
20 alors comme essentiel tout gène présent dans les deux souches dont le génome a été séquencé et pour lequel il n'existe pas un mutant dans la banque de l'invention.

Les gènes présents dans les deux souches sont donnés sur la figure 1. La nomenclature utilisée est celle de la souche Z2491 (séquencée par le Sanger). La liste donnée sur la figure 1 a été obtenue en faisant un TblastN de chaque phase de lecture de Z2491 dans MC58, puis en  
25 gardant toutes les phases de Z2491 qui avaient un pourcentage d'homologie supérieur à 65%.

La liste des gènes pour lesquels un mutant est présent dans la banque est représentée sur la figure 2A. La liste de gènes différentielle, c-à-d présents dans la figure 1 et non dans la figure 2A, est enrichie en gènes essentiels. Cette liste de gènes différentielle comprend des gènes homologues dans d'autres bactéries pathogènes à Gram négatif, telles que les  
30 entérobactéries, *Pseudomonas*, *Acinetobacter*, voire certaines bactéries à Gram positif. Ces gènes constituent des cibles pour développer des antibiotiques à large spectre contre ces bactéries à Gram négatif et des antibiotiques à plus large spectre lorsque ces gènes sont homologues à certains gènes de bactéries à Gram positif.

- Criblage de la banque pour différents phénotypes.

Pour le criblage, on met à profit la connaissance de la séquence de chaque insertion. Pour ce faire, les mutants sont organisés en pools de 48. Pour chaque mutant, on amplifie à l'aide d'oligonucléotides appropriés les sites d'insertions. Chaque produit d'amplification est  
5 déposé sur une membrane de nylon. Les pools de 48 mutants sont ensuite placés dans les conditions pour lesquelles des mutants sont recherchés. De l'ADN total est préparé à l'aide des bactéries obtenues de chaque pool de sortie et une amplification est réalisée à l'aide des oligonucléotides qui ont servi à amplifier les 48 sites d'insertion. Le produit d'amplification va ensuite servir à hybrider les membranes qui correspondent à chaque pool. Les mutants  
10 pour lesquels aucune amplification n'est détectée sont des mutants pour le phénotype considéré.

- Recherche de mutants importants pour la croissance dans le sérum

Comme mentionné ci-dessus, *N.meningitidis* est une bactérie à multiplication extra  
15 cellulaire parfaitement adaptée à ce compartiment. L'invention vise donc à identifier de façon exhaustive les attributs et les gènes nécessaires à cette croissance.

### 1 – Isolement des souches :

On isole la souche sauvage 2C43 wt (contrôle positif) et Z5463 CPS- (souche non  
20 capsulée, contrôle négatif) sur boîte GCB (agar 5g/l) ; les mutants réalisés à partir de la souche 8013 sont isolés sur boîte GCB + *Kanamycine* 100 µg/µl.

La culture est réalisée pendant 14-18h, à 37°C, sous 5% de CO<sub>2</sub>.

### 2 - Sérum :

25 Le sérum humain complémenté est conservé à -80°C. Après chauffage 30 min. à 56°C, le sérum est décomplémenté. La croissance est réalisée pour les témoins et les mutants avec du sérum complémenté et décomplémenté systématiquement.

Chaque mutant est testé avec un témoin positif et négatif pour comparer les courbes de  
30 croissance réalisées sur différents jours.

### 3 - Inoculum :

On prélève 1 dose de colonies bien isolées et on les dissocie dans 5 ml de RPMI (GIBCO : RPMI 1640 medium avec glutamaxI ; préalablement mis 5-10 min. à température ambiante avant ensemencement, pour préserver les bactéries des variations brusques de températures). L'amas de bactéries est repris à l'aide d'une P1000, puis vortexé. La préculture est mise sous agitation à 37°C, pendant 2h. On mesure alors la DO à 600 nm (le témoin blanc étant du RMPI) et on ramène l'inoculum à 0,1 dans du RPMI (préalablement mis durant 5-10 min. à température ambiante).

#### 4 - Milieu de croissance :

On dépose 98 µl de sérum et 292 µl de RPMI (25% sérum, 75% RMPI) par puits. On laisse 5 min. à température ambiante avant inoculation.

Dans les puits éventuellement vides, on introduit 400 µl d'eau.

#### 5 - Inoculation :

Après agitation, on prélève 10 µl d'inoculum ajusté à 0,1 de DO, et on le dépose dans un puits contenant du milieu de croissance, puis on mélange à l'aide d'une P1000. On place les puits dans une étuve à 37°C, sous 5% de CO<sub>2</sub>. On dose l'inoculum à T0 et la croissance bactérienne à différents temps, en étalant 50µl de différentes dilutions sur des boîtes GCB.

#### 6 - Prélèvements :

On remet en suspension (avec une P1000) avant de prélever au temps 0h, 1h, 5h post inoculation. On prélève 20 µl de milieu de culture inoculé que l'on met dans 180 µl de RPMI (D1; tube 1,5 ml, préalablement mis à température ambiante 10 min., avant de prélever, afin d'éviter une grande différence de température). L'ensemble est vortexé.

#### 7 - Dilutions :

Le tube D1 est vortexé, puis on prélève 50 µl de D1 qu'on ajoute dans 450 µl de RPMI (D2 ; tube de 2ml, préalablement mis à température ambiante 10 min.). On vortexe entre chaque étape de dilution et on change de cône. On réalise les dilutions jusqu'à la dilution D4 pour le temps T0, D3 pour le temps T1, et D5 pour le temps T5.

#### 8 - Ensemencement :

L'ensemencement se fait sur boîte GCB pour les témoins, et GCB+ kanamycine 100µg/µl pour les mutants. On vortexe, puis on prélève 50 µl de chaque dilution. On incube à l'envers dans une étuve à 37°C, sous 5% de CO<sub>2</sub>, pendant 14-18h, avant comptage des colonies. On ensemence D4, 3 pour le temps T0 ; D0,1, 2, 3 pour le temps T1 ; D5,4,3,2,1 pour le temps T5.

#### 9 – Gènes de Nm permettant la croissance dans le sérum : comptage des bactéries survivantes dans le sérum en fonction du temps

Une courbe de croissance représentant le nombre de bactéries survivantes dans le sérum en fonction du temps a été établie pour chacun des clones (log<sub>10</sub> CFU en fonction du temps d'incubation en heures) .

Deux souches contrôles ont été incluses à chaque fois dans le test: la souche sauvage correspondant à une souche de *Neisseria meningitidis*, séro groupe C et une souche témoin correspondant à *Neisseria meningitidis*, séro groupe A dépourvue de capsule. Pour chaque gène un seul mutant est représenté.

Les résultats sont donnés sur les figures 4 à 24, qui représentent les courbes de croissance des mutants de la figure 3 dans le sérum complémenté et le sérum décomplémenté.

#### • Identification des adhésines pour cellules endothéliales.

Les adhésines importantes pour l'interaction sur cellules endothéliales peuvent être utilisées pour permettre l'ouverture de la barrière hémato-encéphalique et faire passer des médicaments dans le cerveau.

Des cellules HUVEC à confluence sont ensemencées dans des microplaques de culture cellulaire à 24 puits à une densité de 10<sup>5</sup>/puits. Les cellules sont lavées le jour suivant dans du sérum 10%/RPMI, et sont incubées 2h à 37°C. Simultanément, les bactéries sont remises en suspension dans le même milieu à une DO<sub>550</sub> de 0,1 à 0,01 et mises à incuber pendant 2h à 37°C. La suspension de bactéries est utilisée pour infecter les cellules 30 min à 37°C.

L'infection est ensuite poursuivie 4-5h avec les cellules lavées chaque heure.

## REVENDICATIONS

- 1/ Procédé de détection exhaustif de gènes de bactéries pathogènes, en particulier de  
5 Nm, exprimant un phénotype recherché, caractérisé en ce que
- on utilise une banque de mutants générée à partir d'une souche bactérienne donnée de manière à ce qu'au moins 70% des gènes non essentiels, et notamment au moins 80%, voire plus de 90%, soient mutagénisés par insertion d'un transposon dans une phase de lecture,
  - 10 - on met ensuite en contact les mutants, soit individuellement, soit en pools, avec un environnement, tel que milieu, animal ou cellules, capable d'interagir avec les bactéries mutantes exprimant le phénotype recherché,
  - on récupère, dans le cas de l'utilisation de pools, les bactéries n'ayant pas interagi avec le phénotype recherché,
  - 15 - on identifie les gènes mutés de ces bactéries et on vérifie leur implication dans ledit phénotype.
- 2/ Procédé selon la revendication 1, caractérisé en ce que, dans l'étape de mise en contact, on fait passer les mutants de la banque dans du sérum.
- 3/ Procédé selon la revendication 1, caractérisé en ce que, dans l'étape de mise en  
20 contact, on fait passer les mutants de la banque sur des cellules endothéliales.
- 4/ Gènes conférant à une bactérie à la capacité de croître ou d'interagir avec un environnement donné, tel que sérum, modèle animal *in vivo*, cellules, caractérisés en ce qu'ils sont susceptibles d'être obtenus par le procédé selon l'une quelconque des revendications 1 à 3.
- 25 5/ Gènes selon la revendication 4, caractérisés en ce qu'ils sont impliqués dans la croissance des bactéries dans le sérum et sont choisis parmi ceux de la figure 3.
- 6/ Gènes selon la revendication 5, caractérisés en ce qu'ils choisis parmi Nm 83 dxx, Nm 229, Nm 356, Nm 848 galU et les gènes du sérogroupe B, Nm B 1771 et Nm B 65.
- 7/ Gènes selon la revendication 4, caractérisés en ce qu'ils sont impliqués dans  
30 l'interaction avec les cellules endothéliales.
- 8/ Application des gènes sélectionnés selon le procédé de la revendication 2, ou selon la revendication 5 ou 6, comme cibles d'antipathogénicité, consistant à inhiber la croissance de Nm *in vivo* dans le sérum.

## RE V E N D I C A T I O N S

1/ Procédé de détection exhaustif de gènes de bactéries pathogènes, en particulier de  
5 Nm, exprimant un phénotype recherché, caractérisé en ce que

- on utilise une banque de mutants générée à partir d'une souche bactérienne  
donnée de manière à ce qu'au moins 70% des gènes non essentiels, et notamment au  
moins 80%, voire plus de 90%, soient mutagénisés par insertion d'un transposon  
dans une phase de lecture,

10 - on met ensuite en contact les mutants, soit individuellement, soit en pools, avec un  
environnement, tel que milieu, animal ou cellules, capable d'interagir avec les bactéries  
mutantes exprimant le phénotype recherché,

- on récupère, dans le cas de l'utilisation de pools, les bactéries n'ayant pas interagi  
avec le phénotype recherché,

15 - on identifie les gènes mutés de ces bactéries et on vérifie leur implication dans ledit  
phénotype.

2/ Procédé selon la revendication 1, caractérisé en ce que, dans l'étape de mise en  
contact, on fait passer les mutants de la banque dans du sérum.

20 3/ Procédé selon la revendication 1, caractérisé en ce que, dans l'étape de mise en  
contact, on fait passer les mutants de la banque sur des cellules endothéliales.

4/ Gènes de Nm, caractérisés en ce qu'ils sont choisis parmi dxr (1-deoxy-D-xylulose-  
5-phosphate reductoisomerase), galU (UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase), et le  
gène de sérotype B hisC (histidinol-phosphate amino transferase).

25 5/ Application des gènes sélectionnés selon le procédé de la revendication 2, ou selon  
la revendication 4, comme cibles d'antipathogénicité, consistant à inhiber la croissance de Nm  
dans le sérum.

6/ Application des gènes sélectionnés selon le procédé de la revendication 3, ou selon  
la revendication 4 pour le criblage et la fabrication de médicaments permettant l'ouverture de  
la barrière hémato-encéphalique à des principes thérapeutiques tels que les anti-Parkinsoniens,  
30 anti-Alzheimer, antimitotiques, anti-sclérose en plaque, antiviraux, antimycotiques et  
antibiotiques.

7/ Application selon la revendication 5 ou 6, des gènes essentiels de Nm comme cibles  
pour le criblage et la fabrication d'antibiotiques.

## REVENDICATIONS

- 1/ Procédé de détection exhaustif de gènes de bactéries pathogènes, en particulier de
- 5 Nm, exprimant un phénotype recherché, caractérisé en ce que
- on utilise une banque de mutants générée à partir d'une souche bactérienne donnée de manière à ce qu'au moins 70% des gènes non essentiels, et notamment au moins 80%, voire plus de 90%, soient mutagénisés par insertion d'un transposon dans une phase de lecture,
  - 10 - on met ensuite en contact les mutants, soit individuellement, soit en pools, avec un environnement, tel que milieu, animal ou cellules, capable d'interagir avec les bactéries mutantes exprimant le phénotype recherché,
  - on récupère, dans le cas de l'utilisation de pools, les bactéries n'ayant pas interagi avec le phénotype recherché,
  - 15 - on identifie les gènes mutés de ces bactéries et on vérifie leur implication dans ledit phénotype.
- 2/ Procédé selon la revendication 1, caractérisé en ce que, dans l'étape de mise en contact, on fait passer les mutants de la banque dans du sérum.
- 3/ Procédé selon la revendication 1, caractérisé en ce que, dans l'étape de mise en
- 20 contact, on fait passer les mutants de la banque sur des cellules endothéliales.

9/ Application des gènes sélectionnés selon le procédé de la revendication 3, ou selon la revendication 7 pour permettre l'ouverture de la barrière hémato-encéphalique à des principes thérapeutiques tels que les anti-Parkinsoniens, anti-Alzheimer, antimitotiques, anti-sclérose en plaque, antiviraux, antimycotiques et antibiotiques.

5           10/ Application des gènes essentiels de Nm comme cibles pour développer des antibiotiques.



Orfs de Z2491 presentant plus de 65 % d'homologies avec MC58

Z2491 gene	MC58 in silico
NMA0002	99
NMA0003	99
NMA0004	100
NMA0005	100
NMA0006	99
NMA0007	99
NMA0008	100
NMA0009	99
NMA0010	97
NMA0011	97
NMA0012	99
NMA0013	98
NMA0014	99
NMA0015	98
NMA0016	99
NMA0017	97
NMA0018	99
NMA0019	99
NMA0020	99
NMA0021	100
NMA0022	78
NMA0023	100
NMA0024	94
NMA0025	97
NMA0027	97
NMA0028	99
NMA0029	95
NMA0030	100
NMA0031	99
NMA0032	99
NMA0033	99
NMA0035	97
NMA0036	77
NMA0037	100
NMA0042	98
NMA0043	100
NMA0044	98
NMA0048	99
NMA0049	98
NMA0050	100
NMA0052	95
NMA0054	97
NMA0055	99
NMA0056	99
NMA0057	98
NMA0059	91
NMA0060	99
NMA0061	98
NMA0062	98
NMA0063	97
NMA0064	100

Figure 1

NMA0065	94
NMA0066	98
NMA0067	97
NMA0068	88
NMA0069	98
NMA0070	99
NMA0071	99
NMA0072	99
NMA0073	100
NMA0074	99
NMA0075	98
NMA0076	97
NMA0077	98
NMA0078	96
NMA0079	99
NMA0080	100
NMA0081	99
NMA0082	99
NMA0083	98
NMA0084	99
NMA0085	99
NMA0086	98
NMA0087	98
NMA0088	99
NMA0090	99
NMA0091	98
NMA0092	98
NMA0093	99
NMA0094	98
NMA0096	70
NMA0098	99
NMA0099	98
NMA0100	99
NMA0101	99
NMA0102	99
NMA0103	100
NMA0104	100
NMA0105	100
NMA0106	100
NMA0107	97
NMA0108	100
NMA0109	99
NMA0110	99
NMA0111	100
NMA0112	100
NMA0113	100
NMA0114	99
NMA0115	100
NMA0116	100
NMA0117	99
NMA0118	100
NMA0119	100
NMA0120	100
NMA0121	100
NMA0122	100
NMA0123	100

Figure 1 (suite)

NMA0124	100
NMA0125	100
NMA0126	99
NMA0127	97
NMA0128	100
NMA0129	100
NMA0133	100
NMA0134	100
NMA0135	99
NMA0136	100
NMA0137	100
NMA0138	95
NMA0139	98
NMA0140	83
NMA0141	99
NMA0142	99
NMA0143	100
NMA0144	99
NMA0145	100
NMA0146	99
NMA0147	100
NMA0148	98
NMA0149	100
NMA0150	99
NMA0151	98
NMA0153	91
NMA0154	97
NMA0155	99
NMA0156	99
NMA0157	100
NMA0158	93
NMA0159	99
NMA0160	99
NMA0161	94
NMA0162	97
NMA0163	99
NMA0164	100
NMA0165	99
NMA0166	99
NMA0167	98
NMA0168	100
NMA0169	97
NMA0170	99
NMA0171	98
NMA0171A	100
NMA0172	100
NMA0173	99
NMA0174	100
NMA0175	100
NMA0176	98
NMA0177	99
NMA0178	94
NMA0181	100
NMA0182	99
NMA0183	99
NMA0184	100

Figure 1 (suite)

NMA0185	99
NMA0186	98
NMA0187	93
NMA0188	99
NMA0189	97
NMA0190	97
NMA0191	100
NMA0193	97
NMA0194	98
NMA0195	99
NMA0196	88
NMA0197	92
NMA0198	96
NMA0203	97
NMA0204	97
NMA0205	99
NMA0206	96
NMA0207	99
NMA0209	100
NMA0210	99
NMA0211	97
NMA0212	96
NMA0213	99
NMA0215	97
NMA0216	98
NMA0217	97
NMA0218	99
NMA0219	99
NMA0220	98
NMA0221	96
NMA0222	99
NMA0224	99
NMA0225	99
NMA0226	99
NMA0227	100
NMA0228	99
NMA0229	96
NMA0230	98
NMA0233	100
NMA0235	99
NMA0236	99
NMA0237	99
NMA0238	99
NMA0239	99
NMA0240	99
NMA0241	96
NMA0242	97
NMA0243	97
NMA0244	96
NMA0245	97
NMA0246	98
NMA0247	98
NMA0248	96
NMA0249	97
NMA0250	97
NMA0251	94

Figure 1 (suite)

NMA0252	100
NMA0253	98
NMA0254	99
NMA0255	98
NMA0256	97
NMA0257	98
NMA0258	99
NMA0259	97
NMA0260	98
NMA0261	97
NMA0262	97
NMA0263	99
NMA0264	91
NMA0265	90
NMA0266	86
NMA0267	87
NMA0268	86
NMA0269	86
NMA0270	83
NMA0271	66
NMA0272	66
NMA0273	98
NMA0274	95
NMA0275	98
NMA0276	98
NMA0277	95
NMA0279	98
NMA0280	98
NMA0281	99
NMA0282	99
NMA0283	98
NMA0284	97
NMA0285	96
NMA0286	91
NMA0287	99
NMA0288	99
NMA0289	100
NMA0290	99
NMA0291	98
NMA0292	98
NMA0293	85
NMA0295	99
NMA0296	98
NMA0298	98
NMA0299	83
NMA0300	96
NMA0301	100
NMA0303	99
NMA0304	97
NMA0305	99
NMA0305A	98
NMA0306	100
NMA0307	98
NMA0308	98
NMA0309	100
NMA0310	100

Figure 1 (suite)

NMA0311	100
NMA0312	99
NMA0313	96
NMA0314	100
NMA0315	94
NMA0316	100
NMA0317	100
NMA0318	100
NMA0319	96
NMA0320	100
NMA0321	99
NMA0322	99
NMA0323	100
NMA0324	75
NMA0325	100
NMA0326	100
NMA0327	100
NMA0328	100
NMA0329	94
NMA0330	88
NMA0331	98
NMA0333	99
NMA0335	92
NMA0336	100
NMA0337	99
NMA0338	94
NMA0339	97
NMA0340	100
NMA0341	99
NMA0342	98
NMA0343	96
NMA0344	98
NMA0344A	100
NMA0345	98
NMA0346	100
NMA0347	98
NMA0348	100
NMA0349	94
NMA0350	98
NMA0351	97
NMA0353	97
NMA0354	100
NMA0356	98
NMA0357	98
NMA0358	91
NMA0360	100
NMA0361	99
NMA0362	99
NMA0363	97
NMA0364	97
NMA0365	89
NMA0366	80
NMA0367	99
NMA0368	95
NMA0369	98
NMA0370	99

Figure 1 (suite)

NMA0371	95
NMA0372	98
NMA0373	97
NMA0374	98
NMA0375	100
NMA0376	99
NMA0377	100
NMA0378	100
NMA0379	100
NMA0380	100
NMA0381	99
NMA0382	99
NMA0383	100
NMA0384	96
NMA0385	96
NMA0386	97
NMA0387	98
NMA0388	99
NMA0389	99
NMA0390	99
NMA0391	100
NMA0392	99
NMA0393	95
NMA0394	94
NMA0395	70
NMA0396	83
NMA0397	98
NMA0398	93
NMA0400	100
NMA0401	100
NMA0402	98
NMA0403	97
NMA0404	98
NMA0405	99
NMA0409	97
NMA0410	99
NMA0411	98
NMA0412	100
NMA0413	99
NMA0414	99
NMA0415	100
NMA0416	99
NMA0417	100
NMA0418	99
NMA0419	100
NMA0420	100
NMA0421	100
NMA0422	98
NMA0423	97
NMA0424	99
NMA0425	99
NMA0426A	85
NMA0430	95
NMA0431	98
NMA0433	99
NMA0434	100

Figure 1 (suite)

NMA0435	100
NMA0436	99
NMA0437	98
NMA0438	99
NMA0439	100
NMA0440	89
NMA0441	99
NMA0442	99
NMA0444	95
NMA0445	98
NMA0447	99
NMA0448	94
NMA0449	78
NMA0450	98
NMA0451	97
NMA0452	99
NMA0453	98
NMA0454	99
NMA0455	97
NMA0456	97
NMA0457	92
NMA0458	95
NMA0459	99
NMA0461	96
NMA0462	98
NMA0463	99
NMA0464	97
NMA0465	98
NMA0466	97
NMA0467	96
NMA0468	98
NMA0470	99
NMA0471	98
NMA0472	99
NMA0473	99
NMA0476	98
NMA0477	97
NMA0478	97
NMA0480	99
NMA0483	98
NMA0485	99
NMA0486	100
NMA0487	100
NMA0488	98
NMA0489	89
NMA0490	99
NMA0491	100
NMA0492	100
NMA0493	97
NMA0494	95
NMA0495	100
NMA0496	97
NMA0497	98
NMA0498	99
NMA0499	99
NMA0501	98

Figure 1 (suite)



NMA0502	100
NMA0503	98
NMA0504	98
NMA0505	97
NMA0506	99
NMA0507	98
NMA0508	99
NMA0510	97
NMA0511	99
NMA0512	99
NMA0513	100
NMA0514	100
NMA0515	99
NMA0516	98
NMA0517	99
NMA0518	99
NMA0519	99
NMA0520	97
NMA0521	100
NMA0522	96
NMA0523	97
NMA0524	94
NMA0525	92
NMA0526	78
NMA0527	82
NMA0528	98
NMA0529	99
NMA0530	100
NMA0531	92
NMA0532	98
NMA0532a	95
NMA0533	98
NMA0534	98
NMA0535	99
NMA0536	97
NMA0537	94
NMA0538	98
NMA0541	100
NMA0542	98
NMA0543	98
NMA0544	98
NMA0545	98
NMA0546	98
NMA0547	96
NMA0548	98
NMA0549	99
NMA0550	97
NMA0551	100
NMA0552	98
NMA0553	99
NMA0554	91
NMA0555	97
NMA0556	96
NMA0557	99
NMA0559	93
NMA0560	95

Figure 1 (suite)

NMA0561	97
NMA0562	96
NMA0563	80
NMA0564	98
NMA0565	99
NMA0567	99
NMA0568	75
NMA0569	100
NMA0570	98
NMA0571	97
NMA0572	98
NMA0573	93
NMA0574	99
NMA0575	99
NMA0576	99
NMA0577	99
NMA0578	99
NMA0579	97
NMA0580	98
NMA0581	98
NMA0582	100
NMA0583	95
NMA0584	97
NMA0585	93
NMA0586	96
NMA0587	99
NMA0588	92
NMA0589	98
NMA0590	99
NMA0591	86
NMA0592	97
NMA0594	98
NMA0595	97
NMA0596	98
NMA0597	100
NMA0598	99
NMA0599	97
NMA0600	99
NMA0601	98
NMA0602	98
NMA0605	92
NMA0607	66
NMA0608	99
NMA0609	87
NMA0611	96
NMA0612	99
NMA0613	100
NMA0614	99
NMA0615	98
NMA0616	99
NMA0617	99
NMA0618	100
NMA0619	99
NMA0620	98
NMA0621	95
NMA0622	97

Figure 1 (suite)

NMA0623	100
NMA0624	100
NMA0625	99
NMA0626	77
NMA0627	99
NMA0632	98
NMA0632a	92
NMA0633	96
NMA0634	91
NMA0635	98
NMA0636	97
NMA0637	97
NMA0638	95
NMA0639	95
NMA0643	97
NMA0644	96
NMA0645	99
NMA0646	97
NMA0647	96
NMA0648	100
NMA0650	99
NMA0651	100
NMA0652	100
NMA0653	100
NMA0654	98
NMA0655	100
NMA0656	98
NMA0658	100
NMA0659	100
NMA0660	99
NMA0661	99
NMA0662	99
NMA0663	98
NMA0664	99
NMA0664a	100
NMA0665	98
NMA0666	99
NMA0668	100
NMA0669	100
NMA0670	97
NMA0671	77
NMA0672	99
NMA0673	98
NMA0674	99
NMA0675	99
NMA0676	97
NMA0677	93
NMA0678	96
NMA0679	97
NMA0680	100
NMA0681	96
NMA0683	97
NMA0684	100
NMA0685	100
NMA0686	100
NMA0687	98

Figure 1 (suite)

NMA0688	78
NMA0690	66
NMA0691	100
NMA0692	98
NMA0693	99
NMA0694	100
NMA0695	70
NMA0696	95
NMA0696A	98
NMA0697	100
NMA0698	99
NMA0699	99
NMA0700	99
NMA0701	99
NMA0702	99
NMA0703	99
NMA0704	99
NMA0706	94
NMA0707	97
NMA0708	96
NMA0709	98
NMA0710	99
NMA0711	99
NMA0712	96
NMA0714	100
NMA0715	98
NMA0716	99
NMA0717	97
NMA0718	99
NMA0719	98
NMA0720	96
NMA0721	97
NMA0722	100
NMA0723	98
NMA0724	98
NMA0725	99
NMA0726	93
NMA0728	99
NMA0729	99
NMA0730	100
NMA0731	97
NMA0732	98
NMA0733	91
NMA0734	92
NMA0735	99
NMA0736	97
NMA0737	98
NMA0738	99
NMA0739	100
NMA0740	98
NMA0741	99
NMA0742	100
NMA0744	100
NMA0745	100
NMA0746	98
NMA0747	99

Figure 1 (suite)

NMA0748	98
NMA0749	99
NMA0750	99
NMA0751	98
NMA0752	97
NMA0753	99
NMA0754	99
NMA0755	99
NMA0756	99
NMA0757	100
NMA0758	98
NMA0759	97
NMA0760	98
NMA0761	95
NMA0762	98
NMA0763	99
NMA0764	100
NMA0765	100
NMA0766	98
NMA0767	98
NMA0768	99
NMA0769	95
NMA0770	98
NMA0771	68
NMA0774	81
NMA0775	75
NMA0776	75
NMA0777	92
NMA0778	86
NMA0779	83
NMA0780	84
NMA0781	79
NMA0784	88
NMA0786	70
NMA0788	87
NMA0789	97
NMA0790	99
NMA0791	98
NMA0792	99
NMA0793	98
NMA0794	98
NMA0795	100
NMA0796	98
NMA0797	99
NMA0798	100
NMA0799	100
NMA0800	98
NMA0801	99
NMA0802	91
NMA0803	98
NMA0804	98
NMA0805	100
NMA0806	99
NMA0807	99
NMA0808	98
NMA0810	99

Figure 1 (suite)

NMA0811	99
NMA0812	99
NMA0813	100
NMA0814	100
NMA0815	100
NMA0816	98
NMA0817	98
NMA0818	99
NMA0819	97
NMA0820	99
NMA0821	92
NMA0822	93
NMA0823	98
NMA0824	96
NMA0825	99
NMA0826	99
NMA0827	99
NMA0828	96
NMA0829	98
NMA0830	98
NMA0831	98
NMA0832	98
NMA0833	99
NMA0835	99
NMA0836	98
NMA0837	98
NMA0838	98
NMA0839	98
NMA0840	96
NMA0841	99
NMA0842	100
NMA0843	99
NMA0844	99
NMA0845	90
NMA0846	88
NMA0847	99
NMA0848	98
NMA0849	93
NMA0850	98
NMA0851	98
NMA0852	97
NMA0853	77
NMA0855	91
NMA0856	93
NMA0857	79
NMA0858	97
NMA0859	99
NMA0860	94
NMA0861	98
NMA0862	98
NMA0864	98
NMA0865	97
NMA0866	98
NMA0867	96
NMA0868	98
NMA0869	97

Figure 1 (suite)

NMA0870	99
NMA0871	99
NMA0872	99
NMA0873	99
NMA0874	100
NMA0875	98
NMA0876	99
NMA0877	99
NMA0878	100
NMA0879	98
NMA0880	99
NMA0881	98
NMA0882	100
NMA0884	99
NMA0885	99
NMA0886	100
NMA0887	98
NMA0888	99
NMA0889	99
NMA0890	94
NMA0891	99
NMA0892	98
NMA0894	97
NMA0895	99
NMA0896	97
NMA0897	97
NMA0899	99
NMA0900	99
NMA0902	99
NMA0903	98
NMA0904	99
NMA0905	97
NMA0906	96
NMA0907	97
NMA0908	98
NMA0909	98
NMA0911	98
NMA0912	99
NMA0913	99
NMA0914	100
NMA0915	98
NMA0916	97
NMA0917	98
NMA0918	99
NMA0919	97
NMA0925	99
NMA0927	99
NMA0928	98
NMA0929	99
NMA0930	100
NMA0931	100
NMA0932	99
NMA0933	98
NMA0937	96
NMA0938	100
NMA0939	99

Figure 1 (suite)

NMA0940	98
NMA0941	92
NMA0942	97
NMA0943	97
NMA0944	92
NMA0945	99
NMA0946	98
NMA0947	99
NMA0948	99
NMA0950	98
NMA0951	99
NMA0952	98
NMA0953	97
NMA0954	96
NMA0955	97
NMA0956	99
NMA0957	97
NMA0958	99
NMA0959	97
NMA0960	97
NMA0961	100
NMA0962	99
NMA0963	98
NMA0964	99
NMA0965	100
NMA0966	98
NMA0967	94
NMA0968	98
NMA0969	99
NMA0970	100
NMA0971	96
NMA0972	98
NMA0973	100
NMA0974	100
NMA0975	98
NMA0976	98
NMA0977	99
NMA0978	95
NMA0979	99
NMA0980	92
NMA0981	98
NMA0982	97
NMA0983	70
NMA0984	100
NMA0985	99
NMA0986	96
NMA0987	97
NMA0988	96
NMA0989	99
NMA0990	97
NMA0991	98
NMA0992	98
NMA0993	98
NMA0994	99
NMA0995	98
NMA0996	99

Figure 1 (suite)



NMA0997	98
NMA0999	99
NMA1000	99
NMA1001	97
NMA1002	100
NMA1003	99
NMA1004	98
NMA1005	100
NMA1006	99
NMA1007	99
NMA1008	100
NMA1009	97
NMA1010	96
NMA1011	99
NMA1012	98
NMA1013	98
NMA1015	98
NMA1016	98
NMA1017	100
NMA1018	98
NMA1019	95
NMA1020	98
NMA1021	98
NMA1022	98
NMA1023	99
NMA1024	97
NMA1025	93
NMA1026	99
NMA1027	100
NMA1028	99
NMA1029	98
NMA1030	99
NMA1031	99
NMA1032	99
NMA1033	99
NMA1034	97
NMA1035	99
NMA1036	90
NMA1037	99
NMA1038	98
NMA1039	100
NMA1042	93
NMA1045	94
NMA1046	89
NMA1047	99
NMA1048	98
NMA1049	86
NMA1051	91
NMA1052	99
NMA1053	97
NMA1054	98
NMA1056	99
NMA1057	93
NMA1058	89
NMA1059	96
NMA1060	100

Figure 1 (suite)

NMA1061	98
NMA1062	99
NMA1063	98
NMA1064	97
NMA1065	98
NMA1066	98
NMA1067	99
NMA1068	99
NMA1070	99
NMA1071	88
NMA1072	100
NMA1073	100
NMA1074	99
NMA1075	80
NMA1076	98
NMA1084	97
NMA1085	99
NMA1086	98
NMA1087	100
NMA1088	97
NMA1089	96
NMA1090	97
NMA1091	95
NMA1092	97
NMA1093	100
NMA1094	98
NMA1095	99
NMA1096	99
NMA1097	98
NMA1098	99
NMA1100	99
NMA1101	99
NMA1102	100
NMA1104	99
NMA1105	99
NMA1106	93
NMA1107	93
NMA1108	82
NMA1109	96
NMA1110	97
NMA1111	94
NMA1112	98
NMA1113	98
NMA1114	98
NMA1115	98
NMA1116	98
NMA1117	96
NMA1118	98
NMA1119	98
NMA1120	99
NMA1121	98
NMA1122	99
NMA1123	99
NMA1124	98
NMA1126	100
NMA1127	97

Figure 1 (suite)

NMA1128	97
NMA1129	98
NMA1129a	98
NMA1130	94
NMA1131	98
NMA1132	97
NMA1133	99
NMA1134	94
NMA1135	99
NMA1136	98
NMA1137	100
NMA1138	98
NMA1139	99
NMA1140	98
NMA1141	100
NMA1142	99
NMA1143	100
NMA1144	98
NMA1145	99
NMA1146	100
NMA1147	100
NMA1148	100
NMA1149	100
NMA1150	96
NMA1151	99
NMA1152	100
NMA1153	99
NMA1154	99
NMA1159	98
NMA1160	98
NMA1161	99
NMA1162	95
NMA1163	98
NMA1164	100
NMA1165	99
NMA1166	100
NMA1167	98
NMA1168	96
NMA1169	100
NMA1170	99
NMA1171	100
NMA1172	74
NMA1173	70
NMA1174	100
NMA1175	97
NMA1176	92
NMA1177	97
NMA1178	97
NMA1179	96
NMA1180	98
NMA1181	92
NMA1182	96
NMA1183	98
NMA1185	94
NMA1186	88
NMA1187	100

Figure 1 (suite)

NMA1188	97
NMA1189	99
NMA1190	97
NMA1191	96
NMA1192	100
NMA1193	100
NMA1194	100
NMA1195	100
NMA1196	95
NMA1197	97
NMA1198	100
NMA1199	98
NMA1200	90
NMA1201	100
NMA1202	98
NMA1203	100
NMA1204	100
NMA1205	98
NMA1206	98
NMA1207	95
NMA1208	94
NMA1212	94
NMA1217	93
NMA1218	97
NMA1219	96
NMA1220	98
NMA1221	98
NMA1222	99
NMA1223	100
NMA1224	99
NMA1230	100
NMA1231	100
NMA1232	90
NMA1233	97
NMA1234	82
NMA1237	99
NMA1239	79
NMA1242	84
NMA1243	99
NMA1244	99
NMA1245	97
NMA1246	98
NMA1247	99
NMA1249	98
NMA1250	99
NMA1251	99
NMA1252	98
NMA1253	98
NMA1254	99
NMA1255	99
NMA1256	90
NMA1257	99
NMA1258	100
NMA1259	97
NMA1260	98
NMA1261	96

Figure 1 (suite)

NMA1262	99
NMA1263	98
NMA1264	95
NMA1265	98
NMA1266	97
NMA1267	98
NMA1268	98
NMA1270	99
NMA1272	99
NMA1273	98
NMA1274	98
NMA1275	99
NMA1276	99
NMA1278	98
NMA1279	98
NMA1280	96
NMA1281	96
NMA1284	94
NMA1285	72
NMA1286	83
NMA1301	88
NMA1302	100
NMA1303	97
NMA1304	99
NMA1305	97
NMA1306	95
NMA1307	83
NMA1308	83
NMA1309	66
NMA1310	98
NMA1311	70
NMA1312	86
NMA1313	97
NMA1314	99
NMA1315	99
NMA1316	100
NMA1318	99
NMA1319	99
NMA1320	98
NMA1321	100
NMA1322	97
NMA1323	99
NMA1324	98
NMA1325	96
NMA1326	100
NMA1327	98
NMA1328	97
NMA1329	97
NMA1330	98
NMA1331	98
NMA1332	100
NMA1334	100
NMA1335	100
NMA1336	94
NMA1338	98
NMA1339	98

Figure 1 (suite)

NMA1340	98
NMA1341	99
NMA1343	97
NMA1344	100
NMA1345	91
NMA1347	100
NMA1348	100
NMA1349	99
NMA1350	99
NMA1351	99
NMA1353	100
NMA1354	100
NMA1355	90
NMA1356	96
NMA1357	96
NMA1358	99
NMA1359	96
NMA1360	98
NMA1361	98
NMA1362	99
NMA1363	95
NMA1364	99
NMA1365	99
NMA1366	94
NMA1367	95
NMA1368	97
NMA1369	96
NMA1370	99
NMA1371	98
NMA1372	99
NMA1373	100
NMA1374	98
NMA1375	100
NMA1376	100
NMA1377	99
NMA1378	99
NMA1379	99
NMA1380	100
NMA1381	99
NMA1382	99
NMA1383	96
NMA1384	98
NMA1385	96
NMA1390	100
NMA1391	96
NMA1393	95
NMA1394	98
NMA1395	100
NMA1396	95
NMA1397	99
NMA1398	98
NMA1400	98
NMA1401	99
NMA1402	99
NMA1403	98
NMA1404	98

Figure 1 (suite)

NMA1405	100
NMA1406	99
NMA1407	99
NMA1408	98
NMA1409	99
NMA1410	99
NMA1411	99
NMA1412	98
NMA1413	98
NMA1414	97
NMA1415	98
NMA1416	98
NMA1417	98
NMA1418	97
NMA1419	100
NMA1420	99
NMA1421	99
NMA1423	96
NMA1424	93
NMA1425	98
NMA1427	97
NMA1429	98
NMA1430	90
NMA1432	99
NMA1433	98
NMA1437	100
NMA1438	99
NMA1439	97
NMA1440	97
NMA1441	98
NMA1442	100
NMA1443	100
NMA1444	99
NMA1445	98
NMA1446	99
NMA1447	99
NMA1448	98
NMA1449	98
NMA1450	99
NMA1451	100
NMA1452	99
NMA1453	98
NMA1454	98
NMA1456	98
NMA1457	98
NMA1459	99
NMA1460	98
NMA1461	100
NMA1462	99
NMA1463	99
NMA1464	96
NMA1465	98
NMA1466	97
NMA1468	99
NMA1469	96
NMA1470	97

Figure 1 (suite)

NMA1471	99
NMA1472	98
NMA1473	98
NMA1474	98
NMA1475	96
NMA1476	97
NMA1478	98
NMA1479	97
NMA1480	100
NMA1481	99
NMA1482	98
NMA1483	99
NMA1484	99
NMA1485	99
NMA1486	99
NMA1487	90
NMA1488	99
NMA1489	95
NMA1490	99
NMA1491	87
NMA1492	99
NMA1493	98
NMA1494	96
NMA1495	99
NMA1496	100
NMA1497	100
NMA1498	99
NMA1499	99
NMA1500	100
NMA1501	99
NMA1503	96
NMA1504	99
NMA1505	98
NMA1506	99
NMA1507	98
NMA1508	100
NMA1509	97
NMA1514	98
NMA1515	99
NMA1516	100
NMA1517	100
NMA1518	100
NMA1519	99
NMA1520	100
NMA1521	100
NMA1522	99
NMA1523	99
NMA1524	98
NMA1525	98
NMA1526	99
NMA1527	98
NMA1528	99
NMA1529	99
NMA1531	99
NMA1532	100
NMA1533	93

Figure 1 (suite)



NMA1534	99
NMA1535	100
NMA1536	99
NMA1537	99
NMA1538	99
NMA1539	96
NMA1540	98
NMA1541	97
NMA1542	98
NMA1543	98
NMA1545	98
NMA1546	99
NMA1547	99
NMA1548	98
NMA1549	99
NMA1550	97
NMA1551	99
NMA1552	98
NMA1553	98
NMA1554	99
NMA1555	99
NMA1556	97
NMA1557	99
NMA1558	77
NMA1559	99
NMA1560	99
NMA1561	93
NMA1562	99
NMA1563	96
NMA1564	100
NMA1565	98
NMA1566	98
NMA1567	95
NMA1568	98
NMA1569	99
NMA1570	98
NMA1571	96
NMA1572	99
NMA1573	98
NMA1574	99
NMA1575	96
NMA1576	98
NMA1577	98
NMA1578	97
NMA1579	98
NMA1580	99
NMA1581	98
NMA1582	99
NMA1583	93
NMA1584	97
NMA1585	99
NMA1586	98
NMA1588	96
NMA1589	96
NMA1591	93
NMA1592	99

Figure 1 (suite)

NMA1593	100
NMA1594	96
NMA1595	99
NMA1596	98
NMA1597	100
NMA1598	99
NMA1599	99
NMA1600	99
NMA1601	100
NMA1601a	99
NMA1601b	98
NMA1602	99
NMA1603	97
NMA1604	99
NMA1605	100
NMA1607	100
NMA1608	100
NMA1609	98
NMA1610	98
NMA1611	100
NMA1612	92
NMA1613	98
NMA1614	99
NMA1615	99
NMA1616	100
NMA1617	99
NMA1618	95
NMA1619	98
NMA1620	99
NMA1621	100
NMA1622	99
NMA1623	99
NMA1624	99
NMA1625	85
NMA1626	86
NMA1627	98
NMA1628	97
NMA1629	99
NMA1630	98
NMA1631	99
NMA1632	100
NMA1633	97
NMA1634	99
NMA1635	99
NMA1636	91
NMA1637	81
NMA1638	99
NMA1639	100
NMA1640	98
NMA1641	94
NMA1642	97
NMA1643	99
NMA1644	96
NMA1645	100
NMA1646	98
NMA1647	98

Figure 1 (suite)

NMA1648	99
NMA1649	96
NMA1650	99
NMA1651	99
NMA1652	91
NMA1653	98
NMA1654	99
NMA1655	97
NMA1656	95
NMA1657	99
NMA1658	99
NMA1659	98
NMA1660	98
NMA1661	98
NMA1662	98
NMA1663	93
NMA1664	99
NMA1665	98
NMA1666	91
NMA1667	99
NMA1668	99
NMA1669	99
NMA1670	99
NMA1671	99
NMA1672	100
NMA1673	98
NMA1674	99
NMA1675	98
NMA1676	88
NMA1677	89
NMA1678	99
NMA1679	99
NMA1680	99
NMA1681	91
NMA1682	97
NMA1683	99
NMA1684	99
NMA1685	100
NMA1686	98
NMA1687	99
NMA1688	100
NMA1689	98
NMA1690	88
NMA1691	98
NMA1692	96
NMA1693	97
NMA1694	99
NMA1695	98
NMA1696	96
NMA1697	95
NMA1698	99
NMA1699	99
NMA1700	98
NMA1701	99
NMA1702	99
NMA1703	99

Figure 1 (suite)

NMA1704	99
NMA1705	97
NMA1706	98
NMA1707	98
NMA1708	99
NMA1709	100
NMA1710	100
NMA1711	99
NMA1712	99
NMA1713	99
NMA1714	94
NMA1715	99
NMA1716	99
NMA1717	100
NMA1718	99
NMA1719	99
NMA1720	99
NMA1721	97
NMA1722	100
NMA1723	93
NMA1724	97
NMA1725	90
NMA1726	100
NMA1727	98
NMA1728	95
NMA1729	93
NMA1730	98
NMA1731	100
NMA1732	95
NMA1733	97
NMA1734	99
NMA1735	99
NMA1736	97
NMA1737	99
NMA1738	94
NMA1739	97
NMA1740	83
NMA1741	98
NMA1742	99
NMA1743	99
NMA1744	96
NMA1745	97
NMA1746	97
NMA1747	95
NMA1748	98
NMA1749	97
NMA1750	97
NMA1751	100
NMA1752	99
NMA1753	99
NMA1754	100
NMA1755	97
NMA1756	99
NMA1757	99
NMA1758	98
NMA1759	98

Figure 1 (suite)

NMA1760	99
NMA1761	99
NMA1762	99
NMA1763	99
NMA1764	99
NMA1765	100
NMA1766	99
NMA1767	99
NMA1768	100
NMA1769	100
NMA1770	99
NMA1771	98
NMA1772	100
NMA1773	99
NMA1774	91
NMA1775	97
NMA1776	97
NMA1777	94
NMA1778	99
NMA1779	97
NMA1780	97
NMA1781	99
NMA1782	99
NMA1783	100
NMA1784	98
NMA1785	99
NMA1786	99
NMA1788	97
NMA1792	99
NMA1793	98
NMA1794	99
NMA1795	95
NMA1796	100
NMA1797	93
NMA1798	98
NMA1799	97
NMA1800	99
NMA1801	99
NMA1802	98
NMA1803	95
NMA1805	100
NMA1806	99
NMA1807	100
NMA1808	98
NMA1809	95
NMA1810	98
NMA1811	98
NMA1812	99
NMA1813	99
NMA1814	99
NMA1815	98
NMA1816	98
NMA1817	99
NMA1818	98
NMA1819	98
NMA1820	100

Figure 1 (suite)

NMA1828	67
NMA1851	66
NMA1852	93
NMA1854	84
NMA1858	100
NMA1859	100
NMA1860	98
NMA1861	95
NMA1862	97
NMA1863	99
NMA1864	96
NMA1866	77
NMA1868	80
NMA1883	73
NMA1884	84
NMA1886	98
NMA1887	98
NMA1888	91
NMA1890	84
NMA1891	100
NMA1892	100
NMA1894	99
NMA1895	100
NMA1896	99
NMA1897	98
NMA1898	93
NMA1899	97
NMA1900	98
NMA1901	99
NMA1902	99
NMA1903	98
NMA1904	99
NMA1905	99
NMA1906	98
NMA1907	99
NMA1907A	100
NMA1908	98
NMA1909	99
NMA1911	97
NMA1912	99
NMA1913	98
NMA1914	95
NMA1915	98
NMA1916	98
NMA1917	98
NMA1918	100
NMA1919	99
NMA1920	99
NMA1921	97
NMA1922	97
NMA1923	98
NMA1925	96
NMA1927	97
NMA1928	98
NMA1929	100
NMA1930	99

Figure 1 (suite)

NMA1931	97
NMA1932	100
NMA1933	94
NMA1934	99
NMA1935	95
NMA1936	99
NMA1937	98
NMA1938	94
NMA1939	99
NMA1940	97
NMA1941	99
NMA1942	98
NMA1943	97
NMA1944	99
NMA1945	99
NMA1946	84
NMA1947	93
NMA1948	89
NMA1949	98
NMA1950	92
NMA1951	96
NMA1952	98
NMA1953	96
NMA1954	97
NMA1955	98
NMA1956	98
NMA1957	98
NMA1958	99
NMA1959	98
NMA1960	93
NMA1961	99
NMA1962	99
NMA1963	99
NMA1964	99
NMA1965	98
NMA1966	97
NMA1967	97
NMA1968	98
NMA1969	99
NMA1970	97
NMA1971	99
NMA1972	98
NMA1973	99
NMA1974	96
NMA1975	97
NMA1976	98
NMA1977	99
NMA1978	100
NMA1979	99
NMA1980	100
NMA1981	98
NMA1982	99
NMA1983	100
NMA1984	100
NMA1985	99
NMA1986	99

Figure 1 (suite)

NMA1987	99
NMA1988	100
NMA1989	99
NMA1990	100
NMA1991	96
NMA1992	92
NMA1994	99
NMA1995	95
NMA1996	95
NMA1997	99
NMA1998	99
NMA1999	98
NMA2000	96
NMA2001	100
NMA2002	99
NMA2003	100
NMA2004	99
NMA2005	100
NMA2006	100
NMA2007	100
NMA2008	100
NMA2009	100
NMA2010	99
NMA2011	96
NMA2012	97
NMA2013	98
NMA2014	99
NMA2015	99
NMA2016	100
NMA2017	99
NMA2018	97
NMA2019	98
NMA2020	99
NMA2021	97
NMA2022	100
NMA2023	99
NMA2024	97
NMA2025	82
NMA2026	100
NMA2027	99
NMA2028	97
NMA2030	97
NMA2031	100
NMA2032	98
NMA2033	97
NMA2034	97
NMA2035	99
NMA2036	98
NMA2037	98
NMA2038	97
NMA2039	98
NMA2040	99
NMA2041	98
NMA2043	81
NMA2044	96
NMA2045	99

Figure 1 (suite)



NMA2046	99
NMA2047	98
NMA2048	99
NMA2049	99
NMA2050	99
NMA2051	99
NMA2052	98
NMA2053	99
NMA2054	100
NMA2055	99
NMA2056	99
NMA2057	100
NMA2058	99
NMA2059	99
NMA2060	98
NMA2061	99
NMA2062	98
NMA2063	99
NMA2064	96
NMA2065	59
NMA2066	99
NMA2067	96
NMA2068	98
NMA2069	94
NMA2071	98
NMA2072	100
NMA2073	100
NMA2074	98
NMA2075	98
NMA2076	98
NMA2077	98
NMA2078	97
NMA2079	96
NMA2080	98
NMA2081	98
NMA2083	100
NMA2084	93
NMA2085	97
NMA2086	96
NMA2087	91
NMA2088	98
NMA2089	99
NMA2090	98
NMA2091	99
NMA2092	97
NMA2093	96
NMA2094	96
NMA2097	96
NMA2098	97
NMA2099	99
NMA2100	99
NMA2101	99
NMA2102	99
NMA2103	97
NMA2105	98
NMA2106	99

Figure 1 (suite)

NMA2107	100
NMA2108	99
NMA2109	100
NMA2111	99
NMA2112	98
NMA2113	69
NMA2114	85
NMA2115	69
NMA2117	99
NMA2118	95
NMA2120	97
NMA2122	99
NMA2123	98
NMA2124	99
NMA2126	98
NMA2127	98
NMA2128	98
NMA2129	98
NMA2130	99
NMA2131	98
NMA2132	100
NMA2133	99
NMA2134	96
NMA2135	98
NMA2136	96
NMA2137	97
NMA2138	96
NMA2139	97
NMA2140	96
NMA2141	98
NMA2142	100
NMA2143	97
NMA2144	99
NMA2145	100
NMA2146	97
NMA2147	100
NMA2148	98
NMA2149	98
NMA2150	99
NMA2151	98
NMA2152	99
NMA2153	99
NMA2154	96
NMA2155	100
NMA2156	98
NMA2157	99
NMA2158	98
NMA2159	100
NMA2160	99
NMA2161	100
NMA2162	100
NMA2163	100
NMA2164	98
NMA2165	100
NMA2166	100
NMA2167	99

Figure 1 (suite)

NMA2168	99
NMA2169	100
NMA2170	98
NMA2171	97
NMA2172	99
NMA2173	96
NMA2174	99
NMA2175	96
NMA2176	100
NMA2177	99
NMA2178	99
NMA2179	99
NMA2180	99
NMA2181	83
NMA2182	99
NMA2183	96
NMA2184	97
NMA2185	97
NMA2186	99
NMA2187	98
NMA2188	94
NMA2189	98
NMA2190	98
NMA2191	100
NMA2193	99
NMA2195	99
NMA2196	100
NMA2197	98
NMA2198	89
NMA2199	96
NMA2200	97
NMA2201	99
NMA2202	100
NMA2203	99
NMA2204	99
NMA2205	98
NMA2206	97
NMA2207	98
NMA2208	98
NMA2209	99
NMA2210	97
NMA2211	96
NMA2212	97
NMA2213	98
NMA2214	98
NMA2215	97
NMA2216	100
NMA2217	98
NMA2218	99
NMA2219	96
NMA2220	85
NMA2221	98
NMA2222	100
NMA2223	98
NMA2224	98
NMA2225	96

Figure 1 (suite)

NMA2226  
NMA2227  
NMA2228  
NMA2229

96  
94  
96  
98

Figure 1 (suite)

37/163

<b>515 gènes mutés au 29/11/01</b>
------------------------------------

Figure 2A

Les mutants en rouge présentent une sensibilité accrue à l'action bactéricide du complément du sérum humain.

Nm2: *nuoL*, NADH dehydrogenase I chain L 8/1  
 Nm3: unknown 35/25  
 Nm10: *nuoG*, NADH dehydrogenase I chain G 16/33, 26/39  
 Nm15: *nuoE*, NADH dehydrogenase I chain E 8/41  
 Nm17: *nuoC*, NADH dehydrogenase I chain C 29/44, 57/25  
 Nm18: *nuoB*, NADH dehydrogenase I chain B 7/39', 64/45'  
 Nm20: probable integral membrane protein 20/44  
 Nm22: possible transposase for IS1016 9/17  
 Nm24: unknown 20/7  
 Nm29: unknown 93/8  
 Nm37: unknown 95/37  
 Nm39: unknown 5/31, 24/16', 53/27', 93/13  
 Nm42: *pyrD*, dihydroorotate dehydrogenase 79/39  
 Nm47: probable transmembrane transport protein 71/19  
 Nm48: *pglA*, glycosyltransferase 18/48  
 Nm50: *katA*, catalase 60/22  
 Nm60: probable transmembrane transport protein 4/37', 9/37, 80/37'  
 Nm65: probable lipoprotein 19/44  
 Nm67: unknown 49/30  
 Nm70: *rluC*, probable ribosomal large subunit pseudouridine synthase C 1/44  
 Nm73: probable amino-acid transport protein 14/46, 17/12  
 Nm77: *gidB*, probable glucose inhibited division protein B homolog 20/24  
 Nm83: *dxr*, probable 1-deoxy-D-xylulose-5-phosphate reductoisomerase 80/24  
 Nm84: probable integral membrane protein 5/38  


---

 Nm155: unknown 7/37, 13/31', 25/45'  
 Nm157: unknown 47/48  
 Nm160: probable two-component sensor 92/36  
 Nm162: SUN homolog 19/43  
 Nm165: probable periplasmic protein 8/7, 8/15, 95/23  
 Nm173: unknown 51/35  
 Nm182: probable lipoprotein 9/42  
 Nm183: *gltS*, sodium/glutamate symport carrier protein 72/40  
 Nm184: unknown 19/1, 23/8, 57/10  
 Nm185: *lipB*, capsule polysaccharide modification protein 19/14', 22/14', 25/9, 86/2  
 Nm186: *lipA*, capsule polysaccharide modification protein 41/29, 80/4, 93/19  
 Nm193: probable modification methylase 15/20, 25/6  
 Nm195: *ctrD*, probable capsule polysaccharide export ATP-binding protein 17/5', 18/15', 93/47  
 Nm198: *ctrA*, capsule polysaccharide export outer membrane protein 13/16, 43/8  


---

 Nm207: probable integral membrane protein 55/35  
 Nm221: possible transposase for IS1106 12/5  
 Nm225: possible lipoprotein 5/36, 15/9  
 Nm228: unknown 28/25  
 Nm229: unknown 93/38  
 Nm233: probable lipoprotein 16/20  
 Nm247: *mutS*, DNA mismatch repair protein 11/7, 11/16  
 Nm251: probable periplasmic protein 1/21, 12/7', 12/17'', 12/19', 19/13'', 94/38  
 Nm255: *ftsX*, probable ABC transporter integral membrane protein 16/5, 93/43  
 Nm259: probable transmembrane transport protein 92/11  
 Nm274: possible glycerate dehydrogenase 39/20', 47/12'  
 Nm279: probable membrane-bound lytic murein transglycosylase 6/29, 70/13, 76/7, 95/47  
 Nm285: probable lipoprotein 38/2  
 Nm287: *tbpA*, probable thiamin-binding periplasmic protein 1/38

515 gènes mutés au 29/11/01
-----------------------------

Les mutants soulignés présentent une sensibilité accrue à l'action bactéricide du complément du sérum humain.  
Les chiffres en gras identifient chaque mutant par numéro du pool/ numéro du mutant

Nm2: *muoL*, NADH dehydrogenase I chain L 8/1  
 Nm3: unknown 35/25  
 Nm10: *muoG*, NADH dehydrogenase I chain G 16/33, 26/39  
 Nm15: *muoE*, NADH dehydrogenase I chain E 8/41  
 Nm17: *muoC*, NADH dehydrogenase I chain C 29/44, 57/25  
 Nm18: *muoB*, NADH dehydrogenase I chain B 7/39', 64/45'  
 Nm20: probable integral membrane protein 20/44  
 Nm22: possible transposase for IS1016 9/17  
 Nm24: unknown 20/7  
 Nm29: unknown 93/8  
 Nm37: unknown 95/37  
 Nm39: unknown 5/31, 24/16', 53/27', 93/13  
 Nm42: *pyrD*, dihydroorotate dehydrogenase 79/39  
 Nm47: probable transmembrane transport protein 71/19  
 Nm48: *pglA*, glycosyltransferase 18/48  
 Nm50: *kata*, catalase 60/22  
 Nm60: probable transmembrane transport protein 4/37', 9/37, 80/37'  
 Nm65: probable lipoprotein 19/44  
 Nm67: unknown 49/30  
 Nm70: *rluC*, probable ribosomal large subunit pseudouridine synthase C 1/44  
 Nm73: probable amino-acid transport protein 14/46, 17/12  
 Nm77: *gidB*, probable glucose inhibited division protein B homolog 20/24  
 Nm83: *dxr*, probable 1-deoxy-D-xylulose-5-phosphate reductoisomerase 80/24  
 Nm84: probable integral membrane protein 5/38  
  
 Nm155: unknown 7/37, 13/31', 25/45'  
 Nm157: unknown 47/48  
 Nm160: probable two-component sensor 92/36  
 Nm162: SUN homolog 19/43  
 Nm165: probable periplasmic protein 8/7, 8/15, 95/23  
 Nm173: unknown 51/35  
 Nm182: probable lipoprotein 9/42  
 Nm183: *gltS*, sodium/glutamate symport carrier protein 72/40  
 Nm184: unknown 19/1, 23/8, 57/10  
 Nm185: *lipB*, capsule polysaccharide modification protein 19/14', 22/14', 25/9, 86/2  
 Nm186: *lipA*, capsule polysaccharide modification protein 41/29, 80/4, 93/19  
 Nm193: probable modification methylase 15/20, 25/6  
 Nm195: *ctrD*, probable capsule polysaccharide export ATP-binding protein 17/5', 18/15', 93/47  
 Nm198: *ctrA*, capsule polysaccharide export outer membrane protein 13/16, 43/8  
  
 Nm207: probable integral membrane protein 55/35  
 Nm221: possible transposase for IS1106 12/5  
 Nm225: possible lipoprotein 5/36, 15/9  
 Nm228: unknown 28/25  
 Nm229: unknown 93/38  
 Nm233: probable lipoprotein 16/20  
 Nm247: *mutS*, DNA mismatch repair protein 11/7, 11/16  
 Nm251: probable periplasmic protein 1/21, 12/7', 12/17'', 12/19', 19/13'', 94/38  
 Nm255: *ftsX*, probable ABC transporter integral membrane protein 16/5, 93/43  
 Nm259: probable transmembrane transport protein 92/11  
 Nm274: possible glycerate dehydrogenase 39/20', 47/12'  
 Nm279: probable membrane-bound lytic murein transglycosylase 6/29, 70/13, 76/7, 95/47  
 Nm285: probable lipoprotein 38/2

38/163

Nm289: unknown 16/1  
Nm292: unknown 10/43  
Nm293: *pilC2*, pilus-associated protein 2/26, 94/28  
Nm298: probable symport protein 95/14

Figure 2A  
(suite)

---

Nm307: unknown 12/28  
Nm319: *mafB'*, possible MafB alternative C-terminus 8/30  
Nm320: unknown 13/43  
Nm325: *mafA*, adhesin 5/25  
Nm348: putative nuclease 3/30, 20/4  
Nm349: probable integral membrane protein 46/7  
Nm353: probable integral membrane protein 22/45, 90/40  
Nm356: possible transferase 55/48  
Nm365: probable permease 4/33  
Nm368: probable integral membrane protein 12/36  
Nm369: *hemK*, HemK protein 81/39  
Nm370: probable integral membrane protein 46/43  
Nm372: unknown 7/18', 8/27'  
Nm374: *ppc*, phosphoenolpyruvate carboxylase 18/33, 18/38, 84/2  
Nm380: unknown 46/35  
Nm382: unknown 10/9  
Nm397: *thiC*, thiamin biosynthesis protein 13/33

---

Nm409: probable amino-acid transport protein 4/24  
Nm413: *gntP*, probable gluconate permease 10/47  
Nm414: probable permease 2/16, 5/46  
Nm422: probable pseudouridine synthase 6/9', 13/19, 20/15', 77/18  
Nm425: unknown 47/7  
Nm428: conserved hypothetical protein 3/31  
Nm433: *hrpA'*, ATP-dependent DNA helicase 44/4  
Nm434: hypothetical inner membrane protein 61/14  
Nm436: hypothetical inner membrane protein 93/32  
Nm441: conserved hypothetical protein 12/25  
Nm445: *purL*, phosphoribosylformylglycinamide synthase 4/17, 10/14', 11/8', 75/34  
Nm457: *iga2*, IgA-specific serine endopeptidase 9/21, 40/31  
Nm465: hypothetical inner membrane protein 71/2  
Nm478: possible outer membrane peptidase 6/43  
Nm481: unknown 27/21  
Nm485: probable ABC transport ATP-binding subunit 5/4, 16/45  
Nm486: possible ABC transport inner-membrane subunit 15/32  
Nm489: hypothetical protein 61/13  
Nm490: possible periplasmic/outer membrane protein 96/22  
Nm497: probable inner membrane protein 71/18  
Nm499: *regG*, possible regulator of *pilE* expression 7/44

---

Nm503: possible transglycosylase 6/19, 11/17, 16/17  
Nm506: possible lipoprotein 6/12  
Nm512: *atpI*, probable ATP synthase I 8/23  
Nm524: *lgtA*, lacto-N-neotetraose biosynthesis glycosyl transferase 3/8, 10/2, 21/21, 45/34  
Nm531: pseudogene, probable transposase remnant 90/36  
Nm546: unknown 20/9  
Nm559: *leuS*, probable leucyl-tRNA synthetase 68/22  
Nm560: *drg*, probable type II restriction endonuclease 57/15  
Nm580: *argA*, probable acetylglutamate synthase 7/25  
Nm582: *pyrE*, probable orotate phosphoribosyltransferase 19/36, 57/31  
Nm587: *fba*, probable fructose-1,6-bisphosphate aldolase 21/25, 21/47  
Nm592: *hemL*, probable glutamate-1-semialdehyde 2,1-aminomutase 47/10  
Nm594: *orn*, probable oligoribonuclease 14/25  
Nm599: *queA*, probable S-adenosylmethionine-ribosyltransferase-isomerase 91/2, 96/23

---

Nm287: *ibpA*, probable thiamin-binding periplasmic protein 1/38  
 Nm289: unknown 16/1  
 Nm292: unknown 10/43  
 Nm293: *pilC2*, pilus-associated protein 2/26, 94/28  
 Nm298: probable symport protein 95/14

Nm307: unknown 12/28  
 Nm319: *mafB'*, possible MafB alternative C-terminus 8/30  
 Nm320: unknown 13/43  
 Nm325: *mafA*, adhesin 5/25  
 Nm348: putative nuclease 3/30, 20/4  
 Nm349: probable integral membrane protein 46/7  
 Nm353: probable integral membrane protein 22/45, 90/40  
 Nm356: possible transferase 55/48  
 Nm365: probable permease 4/33  
 Nm368: probable integral membrane protein 12/36  
 Nm369: *hemK*, HemK protein 81/39  
 Nm370: probable integral membrane protein 46/43  
 Nm372: unknown 7/18', 8/27'  
 Nm374: *ppc*, phosphoenolpyruvate carboxylase 18/33, 18/38, 84/2  
 Nm380: unknown 46/35  
 Nm382: unknown 10/9  
 Nm397: *thiC*, thiamin biosynthesis protein 13/33

Nm409: probable amino-acid transport protein 4/24  
 Nm413: *gntP*, probable gluconate permease 10/47  
 Nm414: probable permease 2/16, 5/46  
 Nm422: probable pseudouridine synthase 6/9', 13/19, 20/15', 77/18  
 Nm425: unknown 47/7  
 Nm428: conserved hypothetical protein 3/31  
 Nm433: *hrpA'*, ATP-dependent DNA helicase 44/4  
 Nm434: hypothetical inner membrane protein 61/14  
 Nm436: hypothetical inner membrane protein 93/32  
 Nm441: conserved hypothetical protein 12/25  
 Nm445: *purL*, phosphoribosylformylglycinamide synthase 4/17, 10/14', 11/8', 75/34  
 Nm457: *iga2*, IgA-specific serine endopeptidase 9/21, 40/31  
 Nm465: hypothetical inner membrane protein 71/2  
 Nm478: possible outer membrane peptidase 6/43  
 Nm481: unknown 27/21  
 Nm485: probable ABC transport ATP-binding subunit 5/4, 16/45  
 Nm486: possible ABC transport inner-membrane subunit 15/32  
 Nm489: hypothetical protein 61/13  
 Nm490: possible periplasmic/outer membrane protein 96/22  
 Nm497: probable inner membrane protein 71/18  
 Nm499: *regG*, possible regulator of *pilE* expression 7/44

Nm503: possible transglycosylase 6/19, 11/17, 16/17  
 Nm506: possible lipoprotein 6/12  
 Nm512: *atpI*, probable ATP synthase I 8/23  
 Nm524: *lgtA*, lacto-N-neotetraose biosynthesis glycosyl transferase 3/8, 10/2, 21/21, 45/34  
 Nm531: pseudogene, probable transposase remnant 90/36  
 Nm546: unknown 20/9  
 Nm559: *leuS*, probable leucyl-tRNA synthetase 68/22  
 Nm560: *arg*, probable type II restriction endonuclease 57/15  
 Nm580: *argA*, probable acetylglutamate synthase 7/25  
 Nm582: *pyrE*, probable orotate phosphoribosyltransferase 19/36, 57/31  
 Nm587: *fba*, probable fructose-1,6-bisphosphate aldolase 21/25, 21/47  
 Nm592: *hemL*, probable glutamate-1-semialdehyde 2,1-aminomutase 47/10  
 Nm594: *orn*, probable oligoribonuclease 14/25  
 Nm599: *queA*, probable S-adenosylmethionine-ribosyltransferase-isomerase 91/2, 96/23



39/163

**Figure 2A  
(suite)**

Nm600: unknown 11/28  
 Nm601: probable *lysR*-family transcriptional regulator 47/37  
 Nm602: *carB*, carbamoyl phosphate synthase 2/13, 94/39  
 Nm613: probable *marR*-family regulator 92/41  
 Nm618: hypothetical protein 5/14, 91/41, 92/45  
 Nm619: possible lipopolysaccharide modification acyltransferase 31/22, 46/36, 47/14, 96/11  
 Nm629: unknown 9/6  
 Nm630: unknown 10/4  
 Nm631: unknown 6/46, 9/23, 15/22, 34/9  
 Nm636: *avtA*, probable valine-pyruvate aminotransferase 7/22  
 Nm638: *pglC*, pilin glycosylation protein 68/25  
 Nm639: *pglB*, pilin glycosylation protein 90/45, 93/45  
 Nm643: possible lipopolysaccharide biosynthesis translocase 43/13  
 Nm646: unknown 7/16  
 Nm650: *pilQ*, pilus secretin 10/33, 72/13  
 Nm654: *pilM*, probable pilus assembly protein 11/33, 19/33  
 Nm670: possible two-component system sensor kinase 1/14  
 Nm672: unknown 69/23  
 Nm679: unknown 1/43, 15/17  
 Nm687: probable periplasmic protein 96/46  
 Nm688: *shaB*-like gene 3/24, 14/31, 16/2, 48/7, 87/6  
 Nm690: unknown 10/21, 22/11  
 Nm691: unknown, Asn-rich N-terminus 46/46  
 Nm692: unknown 4/7, 20/27  
 Nm693: unknown within a region of low G+C % 3/19  
 Nm694: unknown within a region of low G+C % 7/17  
 Nm696: unknown 1/40, 7/42

---

Nm714: probable transmembrane hexose transporter 2/14, 5/47  
 Nm715: probable transmembrane transport protein 1/2, 6/45, 15/40  
 Nm720: unknown 4/19, 14/7  
 Nm722: probable transmembrane transport protein 41/25  
 Nm725: *adhA*, probable alcohol dehydrogenase 7/20, 51/22  
 Nm726: probable pilin (*acfP*) 11/24  
 Nm729: probable ABC transporter ATP-binding protein 92/43  
 Nm730: possible thiol-disulphide interchange protein 7/9, 10/18  
 Nm740: unknown 6/10  
 Nm741: possible ubiquinone biosynthesis protein 92/15  
 Nm747: *nqrF*, probable Na<sup>+</sup>-translocating NADH-ubiquinone reductase subunit F 90/34  
 Nm750: *nqrC*, probable Na<sup>+</sup>-translocating NADH-ubiquinone reductase subunit C 12/45  
 Nm752: *nqrA*, probable Na<sup>+</sup>-translocating NADH-ubiquinone reductase subunit A 19/27, 96/39  
 Nm753: possible membrane protein 7/46', 19/19, 28/21', 51/14, 95/45  
 Nm755: unknown 70/11', 71/6', 73/5, 73/18  
 Nm762: hypothetical protein 18/16, 90/29  
 Nm786: possible membrane protein 78/23  
 Nm796: unknown 92/2

---

Nm800: possible integral membrane protein 7/10, 29/28, 52/1, 69/14  
 Nm801: unknown 6/5', 12/8'  
 Nm802: unknown 30/25  
 Nm804: possible sec-independent protein translocase component 93/25  
 Nm816: probable polyamine permease ATP-binding protein 19/8  
 Nm817: probable polyamine permease inner membrane protein 9/36  
 Nm819: possible oxidoreductase 96/31  
 Nm820: *amtB*, probable ammonium transporter 5/30  
 Nm826: *ppsA*, probable phosphoenolpyruvate synthase 8/47  
 Nm827: unknown 7/11  
 Nm828: probable phosphatase 36/3  
 Nm832: possible glycosyl transferase 14/29, 48/26  
 Nm843: *fbpB*, probable iron-uptake permease inner membrane protein 56/34

---

Nm600: unknown 11/28  
 Nm601: probable *lysR*-family transcriptional regulator 47/37  
 Nm602: *carB*, carbamoyl phosphate synthase 2/13, 94/39  
 Nm613: probable *marR*-family regulator 92/41  
 Nm618: hypothetical protein 5/14, 91/41, 92/45  
 Nm619: possible lipopolysaccharide modification acyltransferase 31/22, 46/36, 47/14, 96/11  
 Nm629: unknown 9/6  
 Nm630: unknown 10/4  
 Nm631: unknown 6/46, 9/23, 15/22, 34/9  
 Nm636: *avtA*, probable valine-pyruvate aminotransferase 7/22  
 Nm638: *pglC*, pilin glycosylation protein 68/25  
 Nm639: *pglB*, pilin glycosylation protein 90/45, 93/45  
 Nm643: possible lipopolysaccharide biosynthesis translocase 43/13  
 Nm646: unknown 7/16  
 Nm650: *pilQ*, pilus secretin 10/33, 72/13  
 Nm654: *pilM*, probable pilus assembly protein 11/33, 19/33  
 Nm670: possible two-component system sensor kinase 1/14  
 Nm672: unknown 69/23  
 Nm679: unknown 1/43, 15/17  
 Nm687: probable periplasmic protein 96/46  
 Nm688: *fhaB*-like gene 3/24, 14/31, 16/2, 48/7, 87/6  
 Nm690: unknown 10/21, 22/11  
 Nm691: unknown, Asn-rich N-terminus 46/46  
 Nm692: unknown 4/7, 20/27  
 Nm693: unknown within a region of low G+C % 3/19  
 Nm694: unknown within a region of low G+C % 7/17  
 Nm696: unknown 1/40, 7/42  
  
 Nm714: probable transmembrane hexose transporter 2/14, 5/47  
 Nm715: probable transmembrane transport protein 1/2, 6/45, 15/40  
 Nm720: unknown 4/19, 14/7  
 Nm722: probable transmembrane transport protein 41/25  
 Nm725: *adhA*, probable alcohol dehydrogenase 7/20, 51/22  
 Nm726: probable pilin (*acfP*) 11/24  
 Nm729: probable ABC transporter ATP-binding protein 92/43  
 Nm730: possible thiol-disulphide interchange protein 7/9, 10/18  
 Nm740: unknown 6/10  
 Nm741: possible ubiquinone biosynthesis protein 92/15  
 Nm747: *nqrF*, probable Na<sup>+</sup>-translocating NADH-ubiquinone reductase subunit F 90/34  
 Nm750: *nqrC*, probable Na<sup>+</sup>-translocating NADH-ubiquinone reductase subunit C 12/45  
 Nm752: *nqrA*, probable Na<sup>+</sup>-translocating NADH-ubiquinone reductase subunit A 19/27, 96/39  
 Nm753: possible membrane protein 7/46', 19/19, 28/21', 51/14, 95/45  
 Nm755: unknown 70/11', 71/6', 73/5, 73/18  
 Nm762: hypothetical protein 18/16, 90/29  
 Nm786: possible membrane protein 78/23  
 Nm796: unknown 92/2  
  
 Nm800: possible integral membrane protein 7/10, 29/28, 52/1, 69/14  
 Nm801: unknown 6/5', 12/8'  
 Nm802: unknown 30/25  
 Nm804: possible sec-independent protein translocase component 93/25  
 Nm816: probable polyamine permease ATP-binding protein 19/8  
 Nm817: probable polyamine permease inner membrane protein 9/36  
 Nm819: possible oxidoreductase 96/31  
 Nm820: *amtB*, probable ammonium transporter 5/30  
 Nm826: *ppsA*, probable phosphoenolpyruvate synthase 8/47  
 Nm827: unknown 7/11  
 Nm828: probable phosphatase 36/3  
 Nm832: possible glycosyl transferase 14/29, 48/26

40/163

Nm845: unknown 6/8  
 Nm847: *argH*, probable argininosuccinate lyase 95/5  
 Nm848: *galU*, probable UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase 32/37  
 Nm867: *ampD*, probable anhydro-N-acetylmuramyl-tripeptide amidase 48/6  
 Nm868: possible periplasmic protein 46/19  
 Nm873: possible periplasmic protein 11/5  
 Nm879: *trpA*, probable tryptophan synthase  $\alpha$  chain 19/24, 65/48  
 Nm884: *pyrC*, probable dihydroorotase 1/37, 89/9  
 Nm888: *rnc*, probable ribonuclease III 6/47  
 Nm890: *trpF*, probable N-(5'-phosphoribosyl)anthranilate isomerase 95/39  
 Nm892: *purF*, probable amidophosphoribosyltransferase 60/4

## Figure 2A (suite)

Nm904: *trpB*, probable tryptophan synthase  $\beta$  chain 5/41, 8/40, 27/34', 85/25'  
 Nm905: *iga*, IgA1 protease 1/39, 7/1, 9/25, 12/34  
 Nm909: probable transmembrane transport protein 1/28, 9/22  
 Nm915: unknown 3/37  
 Nm928: *tgt*, probable queueine tRNA-ribosyltransferase 95/9  
 Nm935: unknown 4/28, 75/44  
 Nm941: unknown 2/45  
 Nm942: *bioA*, probable adenosylmethionine-8-amino-7-oxononanoate aminotransferase 6/6, 33/2  
 Nm944: unknown 7/13  
 Nm948: unknown 32/26  
 Nm952: *recN*, probable DNA repair protein 68/11  
 Nm955: unknown 5/7  
 Nm962: probable D-alanyl-D-alanine-endopeptidase 1/48, 56/18, 96/16  
 Nm968: *purC*, probable phosphoribosylaminoimidazole-succinocarboxamide synthase 5/15  
 Nm973: probable integral membrane protein 7/40, 44/34  
 Nm977: *lepA*, probable GTP-binding protein 90/15  
 Nm979: *pilT2*, possible pilus retraction protein 90/19  
 Nm981: possible pilus biogenesis protein 11/22  
 Nm982: unknown 1/24, 7/33  
 Nm987: probable secreted protein 64/5  
 Nm990: unknown 80/2  
 Nm993: possible periplasmic protein 72/33  
 Nm994: possible periplasmic protein 16/39  
 Nm995: *recB*, probable exodeoxyribonuclease V  $\beta$  chain 8/42, 9/28, 41/35  
 Nm999: probable amino acid permease integral membrane protein 73/39

Nm1001: *pgm*, phosphoglucomutase 2/46, 6/35, 25/5, 94/2  
 Nm1002: *ppiB*, probable peptidyl-prolyl cis-trans isomerase B 94/18  
 Nm1003: probable transmembrane transport protein 29/42  
 Nm1008: *ftsJ*, probable cell division protein 15/1  
 Nm1012: probable carbon-sulphur lyase 6/28, 92/4  
 Nm1015: probable NAD(P)H-flavin oxidoreductase 25/14, 29/32  
 Nm1016: probable RNA-binding protein 93/44  
 Nm1020: probable *tetR*-family transcriptional regulator 28/41  
 Nm1022: possible transmembrane efflux protein 8/22, 37/27  
 Nm1034: *rfaE*, probable ADP-heptose synthetase 13/6  
 Nm1035: *nmgII*, probable modification methylase 60/25, 93/11  
 Nm1037: *rfaD*, probable ADP-L-glycero-mannoheptose epimerase 7/30, 47/39  
 Nm1048: unknown 18/3, 35/37  
 Nm1052: *recJ*, probable single-stranded-DNA-specific exonuclease 43/9  
 Nm1054: possible periplasmic protein 6/2  
 Nm1056: unknown 5/1  
 Nm1062: *rdgC*, unknown 2/39  
 Nm1073: unknown 11/13, 83/7  
 Nm1074: possible membrane protein 10/16, 47/27  
 Nm1084: possible periplasmic protein 15/26  
 Nm1086: unknown 7/35  
 Nm1087: possible transferase 4/29, 84/17  
 Nm1090: possible periplasmic protein 7/27, 19/12  
 Nm1107: possible membrane protein 96/8  
 Nm1108: possible membrane protein 34/7  
 Nm1110: probable pilin 12/39, 41/23  
 Nm1111: unknown 18/19  
 Nm1118: *ls*, CMP-N-acetylneuraminate- $\beta$ -galactoside- $\alpha$ -2,3-sialyltransferase 9/46, 65/40, 73/46, 94/8  
 Nm1126: probable transmembrane transport protein 46/38  
 Nm1136: *metX*, probable homoserine O-acetyltransferase 3/11, 14/42  
 Nm1138: *rpmE2*, possible additional 50S ribosomal protein L31 96/2  
 Nm1139: *metF*, probable 5,10-methylenetetrahydrofolate reductase 92/29  
 Nm1140: *metE*, probable 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase 71/7

Nm843: *fbpB*, probable iron-uptake permease inner membrane protein 56/34  
 Nm845: unknown 6/8  
 Nm847: *argH*, probable argininosuccinate lyase 95/5  
 Nm848: *galU*, probable UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase 32/37  
 Nm867: *ampD*, probable anhydro-N-acetylmuramyl-tripeptide amidase 48/6  
 Nm868: possible periplasmic protein 46/19  
 Nm873: possible periplasmic protein 11/5  
 Nm879: *trpA*, probable tryptophan synthase  $\alpha$  chain 19/24, 65/48  
 Nm884: *pyrC*, probable dihydroorotase 1/37, 89/9  
 Nm888: *rnc*, probable ribonuclease III 6/47  
 Nm890: *trpF*, probable N-(5'-phosphoribosyl)anthranilate isomerase 95/39  
 Nm892: *purF*, probable amidophosphoribosyltransferase 60/4  
  
 Nm904: *trpB*, probable tryptophan synthase  $\beta$  chain 5/41, 8/40, 27/34', 85/25'  
 Nm905: *iga*, IgA1 protease 1/39, 7/1, 9/25, 12/34  
 Nm909: probable transmembrane transport protein 1/28, 9/22  
 Nm915: unknown 3/37  
 Nm928: *tgt*, probable queuine tRNA-ribosyltransferase 95/9  
 Nm935: unknown 4/28, 75/44  
 Nm941: unknown 2/45  
 Nm942: *bioA*, probable adenosylmethionine-8-amino-7-oxononanoate aminotransferase 6/6, 33/2  
 Nm944: unknown 7/13  
 Nm948: unknown 32/26  
 Nm952: *recN*, probable DNA repair protein 68/11  
 Nm955: unknown 5/7  
 Nm962: probable D-alanyl-D-alanine-endopeptidase 1/48, 56/18, 96/16  
 Nm968: *purC*, probable phosphoribosylaminoimidazole-succinocarboxamide synthase 5/15  
 Nm973: probable integral membrane protein 7/40, 44/34  
 Nm977: *lepA*, probable GTP-binding protein 90/15  
 Nm979: *pilT2*, possible pilus retraction protein 90/19  
 Nm981: possible pilus biogenesis protein 11/22  
 Nm982: unknown 1/24, 7/33  
 Nm987: probable secreted protein 64/5  
 Nm990: unknown 80/2  
 Nm993: possible periplasmic protein 72/33  
 Nm994: possible periplasmic protein 16/39  
 Nm995: *recB*, probable exodeoxyribonuclease V  $\beta$  chain 8/42, 9/28, 41/35  
 Nm999: probable amino acid permease integral membrane protein 73/39  
  
 Nm1001: *pgm*, phosphoglucomutase 2/46, 6/35, 25/5, 94/2  
 Nm1002: *ppiB*, probable peptidyl-prolyl cis-trans isomerase B 94/18  
 Nm1003: probable transmembrane transport protein 29/42  
 Nm1008: *ftsJ*, probable cell division protein 15/1  
 Nm1012: probable carbon-sulphur lyase 6/28, 92/4  
 Nm1015: probable NAD(P)H-flavin oxidoreductase 25/14, 29/32  
 Nm1016: probable RNA-binding protein 93/44  
 Nm1020: probable *tetR*-family transcriptional regulator 28/41  
 Nm1022: possible transmembrane efflux protein 8/22, 37/27  
 Nm1034: *rfaE*, probable ADP-heptose synthetase 13/6  
 Nm1035: *nmgII*, probable modification methylase 60/25, 93/11  
 Nm1037: *rfaD*, probable ADP-L-glycero-mannoheptose epimerase 7/30, 47/39  
 Nm1048: unknown 18/3, 35/37Nm1052: *recJ*, probable single-stranded-DNA-specific exonuclease 43/9  
 Nm1054: possible periplasmic protein 6/2  
 Nm1056: unknown 5/1Nm1062: *rdgC*, unknown 2/39  
 Nm1073: unknown 11/13, 83/7Nm1074: possible membrane protein 10/16, 47/27  
 Nm1084: possible periplasmic protein 15/26  
 Nm1086: unknown 7/35Nm1087: possible transferase 4/29, 84/17  
 Nm1090: possible periplasmic protein 7/27, 19/12  
 Nm1107: possible membrane protein 96/8Nm1108: possible membrane protein 34/7  
 Nm1110: probable pilin 12/39, 41/23

41/163

## Figure 2A (suite)

Nm1143: *sdhC*, probable succinate dehydrogenase cytochrome B subunit 92/23  
 Nm1145: *sdhA*, probable succinate dehydrogenase flavoprotein subunit 4/39  
 Nm1146: *sdhB*, probable succinate dehydrogenase iron-sulphur protein 18/44  
 Nm1148: *gltA*, probable citrate synthase 16/6', 20/34', 81/36  
 Nm1149: *sucA*, probable 2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component 15/24  
 Nm1152: possible membrane protein 13/7, 93/18, 95/6  
 Nm1162: unknown 96/1  
 Nm1163: *trpG*, probable anthranilate synthase component II 26/22', 48/1'  
 Nm1164: *trpD*, probable anthranilate phosphoribosyltransferase 9/19  
 Nm1174: unknown 11/45  
 Nm1184: possible lipoprotein 11/25  
 Nm1186: unknown 12/18  
 Nm1195: unknown 6/33  
 Nm1200: probable surface fibril protein 47/19', 52/12'  
 Nm1206: probable oxidoreductase 6/48, 34/8, 77/17  
 Nm1207: unknown 14/24  
 Nm1228: unknown within a region of unusually low G+C % 23/29  
 Nm1243: probable sulphate-binding protein 7/26  
 Nm1248: possible periplasmic protein 5/37  
 Nm1249: *abcZ*, probable ABC transporter ATP-binding protein 2/8, 78/6  
 Nm1250: *dedA*, hypothetical protein 19/5  
 Nm1254: *glyA*, probable serine hydroxymethyltransferase 42/20  
 Nm1255: *ggt*, probable gamma-glutamyltranspeptidase 14/8, 92/27, 94/15  
 Nm1263: unknown 89/16  
 Nm1272: unknown 95/2  
 Nm1276: possible membrane protein 5/43, 16/13, 20/40  
 Nm1285: unknown 94/37  
 Nm1286: possible phage transposase 82/19  
 Nm1307: unknown 95/32  
 Nm1313: unknown 18/13, 22/18, 94/35  
 Nm1315: unknown 18/31, 93/10  
 Nm1325: possible phage tail fibre protein 15/19  
 Nm1331: ABC transporter ATP-binding protein 3/43, 22/25  
 Nm1334: possible periplasmic protein 1/32, 43/17  
 Nm1341: unknown 12/46  
 Nm1348: unknown 76/13  
 Nm1351: possible RNA methyltransferase 76/37  
 Nm1356: *mpl*, possible UDP-N-acetylmuramate-L-alanyl-γ-D-glutamyl-meso-diaminopimelate ligase 11/38, 12/15  
 Nm1362: *cysI*, probable sulphite reductase β subunit 25/23  
 Nm1363: *cysJ*, probable sulphite reductase α subunit 4/38, 11/12  
 Nm1365: *cysD*, probable sulphate adenylate transferase subunit 2 19/29  
 Nm1366: *cysH*, probable phosphoadenosinephosphosulfate reductase 8/32  
 Nm1367: *cysG*, sirohaem synthase 53/16  
 Nm1369: unknown, similar to the C-terminal half of bacterial hypothetical proteins 8/34, 63/5  
 Nm1371: *vacB*, probable ribonuclease 40/33  
 Nm1372: *guaB*, probable inosine-5'-monophosphate dehydrogenase 65/17  
 Nm1373: unknown 11/32, 27/42  
 Nm1375: possible transcriptional regulator 95/8  
 Nm1381: probable integral membrane protein 74/27  
 Nm1385: probable type I restriction-modification system modification protein 93/14  
 Nm1393: possible ABC transporter ATP-binding protein 11/31  
 Nm1395: *hom*, probable homoserine dehydrogenase 16/37

---

Nm1401: *recD*, exodeoxyribonuclease V α subunit 13/5', 14/39', 31/25  
 Nm1408: unknown 12/31  
 Nm1409: probable ABC-transporter ATP-binding protein 10/42, 18/21  
 Nm1415: unknown 7/47  
 Nm1417: possible molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein A 10/20, 34/28  
 Nm1418: probable two-component system sensor kinase 87/16  
 Nm1421: *purM*, probable phosphoribosylformylglycinamide cyclo-ligase 7/5  
 Nm1425: *ribA*, probable GTP cyclohydrolase II 91/3  
 Nm1427: probable glycosyl transferase 42/9  
 Nm1435: unknown within a region of low G+C % 19/6, 90/47  
 Nm1438: possible integral membrane protein 15/6  
 Nm1440: *thrC*, probable threonine synthase 87/24  
 Nm1441: unknown 21/31  
 Nm1445: unknown 9/15  
 Nm1448: *radC*, probable DNA repair protein 3/36, 4/45  
 Nm1450: *leuC*, probable 3-isopropylmalate dehydratase large subunit 68/2  
 Nm1456: *leuB*, probable 3-isopropylmalate dehydrogenase 4/9, 40/35  
 Nm1459: *aspA*, probable aspartate ammonia-lyase 19/34, 44/45, 52/9

Nm1111: unknown 18/19  
 Nm1118: *lt*, CMP-N-acetylmuramate- $\beta$ -galactoside- $\alpha$ -2,3-sialyltransferase 9/46, 65/40, 73/46, 94/8  
 Nm1126: probable transmembrane transport protein 46/38  
 Nm1136: *metX*, probable homoserine O-acetyltransferase 3/11, 14/42  
 Nm1138: *rpmE2*, possible additional 50S ribosomal protein L31 96/2  
 Nm1139: *metF*, probable 5,10-methylenetetrahydrofolate reductase 92/29  
 Nm1140: *metE*, probable 5-methyltetrahydropteroylglutamate-homocysteine methyltransferase 71/7  
 Nm1143: *sdhC*, probable succinate dehydrogenase cytochrome B subunit 92/23  
 Nm1145: *sdhA*, probable succinate dehydrogenase flavoprotein subunit 4/39  
 Nm1146: *sdhB*, probable succinate dehydrogenase iron-sulphur protein 18/44  
 Nm1148: *gltA*, probable citrate synthase 16/6', 20/34', 81/36  
 Nm1149: *sucA*, probable 2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component 15/24  
 Nm1152: possible membrane protein 13/7, 93/18, 95/6  
 Nm1162: unknown 96/1  
 Nm1163: *trpG*, probable anthranilate synthase component II 26/22', 48/1'  
 Nm1164: *trpD*, probable anthranilate phosphoribosyltransferase 9/19  
 Nm1174: unknown 11/45  
 Nm1184: possible lipoprotein 11/25  
 Nm1186: unknown 12/18  
 Nm1195: unknown 6/33  
  
 Nm1200: probable surface fibril protein 47/19', 52/12'  
 Nm1206: probable oxidoreductase 6/48, 34/8, 77/17  
 Nm1207: unknown 14/24  
 Nm1228: unknown within a region of unusually low G+C % 23/29  
 Nm1243: probable sulphate-binding protein 7/26  
 Nm1248: possible periplasmic protein 5/37  
 Nm1249: *abcZ*, probable ABC transporter ATP-binding protein 2/8, 78/6  
 Nm1250: *dedA*, hypothetical protein 19/5  
 Nm1254: *glyA*, probable serine hydroxymethyltransferase 42/20  
 Nm1255: *ggt*, probable gamma-glutamyltranspeptidase 14/8, 92/27, 94/15  
 Nm1263: unknown 89/16  
 Nm1272: unknown 95/2  
 Nm1276: possible membrane protein 5/43, 16/13, 20/4  
 Nm1285: unknown 94/37  
 Nm1286: possible phage transposase 82/19  
  
 Nm1307: unknown 95/32  
 Nm1313: unknown 18/13, 22/18, 94/35  
 Nm1315: unknown 18/31, 93/10  
 Nm1325: possible phage tail fibre protein 15/19  
 Nm1331: ABC transporter ATP-binding protein 3/43, 22/25  
 Nm1334: possible periplasmic protein 1/32, 43/17  
 Nm1341: unknown 12/46  
 Nm1348: unknown 76/13  
 Nm1351: possible RNA methyltransferase 76/37  
 Nm1356: *mpx*, possible UDP-N-acetylmuramate-L-alanyl- $\gamma$ -D-glutamyl-meso-diaminopimelate ligase 11/38, 12/15  
 Nm1362: *cysI*, probable sulphite reductase  $\beta$  subunit 25/23  
 Nm1363: *cysJ*, probable sulphite reductase  $\alpha$  subunit 4/38, 11/12  
 Nm1365: *cysD*, probable sulphate adenylate transferase subunit 2 19/29  
 Nm1366: *cysH*, probable phosphoadenosinephosphosulfate reductase 8/32  
 Nm1367: *cysG*, sirohaem synthase 53/16  
 Nm1369: unknown, similar to the C-terminal half of bacterial hypothetical proteins 8/34, 63/5  
 Nm1371: *vacB*, probable ribonuclease 40/33  
 Nm1372: *guaB*, probable inosine-5'-monophosphate dehydrogenase 65/17  
 Nm1373: unknown 11/32, 27/42  
 Nm1375: possible transcriptional regulator 95/8  
 Nm1381: probable integral membrane protein 74/27  
 Nm1385: probable type I restriction-modification system modification protein 93/14  
 Nm1393: possible ABC transporter ATP-binding protein 11/31  
 Nm1395: *hom*, probable homoserine dehydrogenase 16/37

42/163

## Figure 2A (suite)

- Nm1460: probable integral membrane protein 11/27  
 Nm1461: probable *dnaJ*-family protein 5/35  
 Nm1465: unknown 95/25  
 Nm1466: probable type III restriction-modification system endonuclease protein 8/43  
 Nm1467: type III restriction-modification system 4/25  
 Nm1473: unknown 15/35  
 Nm1475: unknown 7/31, 8/8', 8/18', 92/5'', 92/12'', 92/44  
 Nm1482: probable acyl-CoA ligase 5/39  
 Nm1483: probable transmembrane transport protein 10/34, 14/11  
 Nm1485: *gcr*, site-specific recombinase 13/39, 15/48  
 Nm1491: *mfd*, transcription-repair coupling factor 14/3
- 
- Nm1500: probable modification methylase 19/37', 36/37'  
 Nm1507: possible membrane-bound lytic murein transglycosylase 5/28, 86/5, 90/27  
 Nm1508: possible ribosomal small subunit pseudouridine synthase 19/21, 56/44  
 Nm1509: possible sodium-dependent transporter 25/25  
 Nm1518: *adhC*, alcohol dehydrogenase class-III, glutathione-dependent formaldehyde dehydrogenase 18/25, 34/26, 94/48  
 Nm1519: *esd*, esterase D 13/44  
 Nm1523: possible lipoprotein 19/4  
 Nm1528: *uraA*, uracil permease 10/22, 40/6  
 Nm1533: conserved hypothetical integral membrane protein 7/14  
 Nm1540: *uvrC*, excinuclease ABC subunit C 63/12  
 Nm1541: unknown 3/5  
 Nm1542: conserved hypothetical protein 96/42  
 Nm1545: *uvrB*, excinuclease ABC subunit B 43/4  
 Nm1547: possible secreted lysine-rich protein 8/3  
 Nm1557: unknown 11/11  
 Nm1558: possible TonB-dependent receptor protein 1/31  
 Nm1565: probable aldehyde dehydrogenase 2/36  
 Nm1571: iron/sulphur-binding oxidoreductase 90/18  
 Nm1574: possible integral membrane transporter 11/35, 46/17, 74/48  
 Nm1575: *xseA*, exonuclease VII large subunit 6/23  
 Nm1577: unknown 12/6  
 Nm1579: unknown 19/48, 66/14  
 Nm1580: probable ATP-dependent RNA helicase 53/9  
 Nm1584: *argD*, acetylornithine aminotransferase 9/48  
 Nm1589: conserved hypothetical protein 45/18  
 Nm1590: probable type III restriction/modification system modification methylase 15/5  
 Nm1592: *lldA*, L-lactate dehydrogenase 8/4', 20/1', 77/12
- 
- Nm1603: unknown 96/13  
 Nm1617: *sodC*, superoxide dismutase 1/47  
 Nm1639: probable integral membrane protein 61/48  
 Nm1642: *porA*, porin, class I outer membrane protein 6/4  
 Nm1645: possible lipoprotein 92/13  
 Nm1646: phospholipase D-family protein 8/36, 14/4, 40/22, 95/48  
 Nm1647: probable integral membrane protein 4/14, 10/3, 27/35  
 Nm1660: *rep*, ATP-dependent DNA helicase 22/2  
 Nm1665: possible DNA polymerase III subunit 3/48, 9/27  
 Nm1679: *ppX/gppA*, possible exophosphatase 4/44  
 Nm1687: probable glutamate dehydrogenase 15/36  
 Nm1689: possible regulatory protein 9/9  
 Nm1690: unknown 11/4
- 
- Nm1702: *rbh*, ribonuclease 6/34', 8/39'  
 Nm1709: binding-protein-dependent transport systems inner membrane protein 3/28, 8/9  
 Nm1715: possible integral membrane protein 11/20  
 Nm1720: unknown 8/26  
 Nm1722: possible cis-trans isomerase 3/47  
 Nm1723: possible proline-rich repeat protein 96/24

Nm1401: *recD*, exodeoxyribonuclease V  $\alpha$  subunit 13/5', 14/39', 31/25  
 Nm1408: unknown 12/31  
 Nm1409: probable ABC-transporter ATP-binding protein 10/42, 18/21  
 Nm1415: unknown 7/47  
 Nm1417: possible molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein A 10/20, 34/28  
 Nm1418: probable two-component system sensor kinase 87/16  
 Nm1421: *purM*, probable phosphoribosylformylglycinamide cyclo-ligase 7/5  
 Nm1425: *ribA*, probable GTP cyclohydrolase II 91/3  
 Nm1427: probable glycosyl transferase 42/9  
 Nm1435: unknown within a region of low G+C % 19/6, 90/47  
 Nm1438: possible integral membrane protein 15/6  
 Nm1440: *thrC*, probable threonine synthase 87/24  
 Nm1441: unknown 21/31  
 Nm1445: unknown 9/15  
 Nm1448: *radC*, probable DNA repair protein 3/36, 4/45  
 Nm1450: *leuC*, probable 3-isopropylmalate dehydratase large subunit 68/2  
 Nm1456: *leuB*, probable 3-isopropylmalate dehydrogenase 4/9, 40/35  
 Nm1459: *aspA*, probable aspartate ammonia-lyase 19/34, 44/45, 52/9  
 Nm1460: probable integral membrane protein 11/27  
 Nm1461: probable *dnaJ*-family protein 5/35  
 Nm1465: unknown 95/25  
 Nm1466: probable type III restriction-modification system endonuclease protein 8/43  
 Nm1467: type III restriction-modification system 4/25  
 Nm1473: unknown 15/35  
 Nm1475: unknown 7/31, 8/8', 8/18', 92/5'', 92/12'', 92/44  
 Nm1482: probable acyl-CoA ligase 5/39  
 Nm1483: probable transmembrane transport protein 10/34, 14/11  
 Nm1485: *gcr*, site-specific recombinase 13/39, 15/48  
 Nm1491: *mfd*, transcription-repair coupling factor 14/3  
  
 Nm1500: probable modification methylase 19/37', 36/37'  
 Nm1507: possible membrane-bound lytic murein transglycosylase 5/28, 86/5, 90/27  
 Nm1508: possible ribosomal small subunit pseudouridine synthase 19/21, 56/44  
 Nm1509: possible sodium-dependent transporter 25/25  
 Nm1518: *adhC*, alcohol dehydrogenase class III, glutathione-dependent formaldehyde dehydrogenase 18/25, 34/26, 94/48  
 Nm1519: *esd*, esterase D 13/44  
 Nm1523: possible lipoprotein 19/4  
 Nm1528: *uraA*, uracil permease 10/22, 40/6  
 Nm1533: conserved hypothetical integral membrane protein 7/14  
 Nm1540: *uvrC*, excinuclease ABC subunit C 63/12  
 Nm1541: unknown 3/5  
 Nm1542: conserved hypothetical protein 96/42  
 Nm1545: *uvrB*, excinuclease ABC subunit B 43/4  
 Nm1547: possible secreted lysine-rich protein 8/3  
 Nm1557: unknown 11/11  
 Nm1558: possible TonB-dependent receptor protein 1/31  
 Nm1565: probable aldehyde dehydrogenase 2/36  
 Nm1571: iron/sulphur-binding oxidoreductase 90/18  
 Nm1574: possible integral membrane transporter 11/35, 46/17, 74/48  
 Nm1575: *xseA*, exonuclease VII large subunit 6/23  
 Nm1577: unknown 12/6  
 Nm1579: unknown 19/48, 66/14  
 Nm1580: probable ATP-dependent RNA helicase 53/9  
 Nm1584: *argD*, acetylornithine aminotransferase 9/48  
 Nm1589: conserved hypothetical protein 45/18  
 Nm1590: probable type III restriction/modification system modification methylase 15/5  
 Nm1592: *lldA*, L-lactate dehydrogenase 8/4', 20/1', 77/12  
  
 Nm1603: unknown 96/13



43/163

## Figure 2A (suite)

Nm1727: *rfaF*, ADP-heptose:LPS heptosyltransferase II 70/7  
 Nm1731: conserved hypothetical protein 94/27  
 Nm1740: *lbpB*, lactoferrin-binding protein 37/17  
 Nm1751: possible *gntR*-family transcriptional regulator 90/30  
 Nm1754: unknown 14/35  
 Nm1755: *purN*, phosphoribosylglycinamide transformylase 2/2  
 Nm1756: possible peptidyl-prolyl isomerase 1/42, 15/10  
 Nm1765: *ilvH*, acetolactate synthase isozyme III small subunit 52/29  
 Nm1767: possible lipoprotein 96/34  
 Nm1771: *hisC*, histidinol-phosphate aminotransferase 19/39  
 Nm1775: partial ORF 93/46  
 Nm1778: possible secreted protease 35/1  
 Nm1783: AraC-family transcriptional regulator 51/3  
 Nm1785: conserved hypothetical integral membrane protein 96/15  
 Nm1786: possible polyamine permease substrate-binding protein 29/6, 96/5

---

Nm1812: *fumA*, fumarate hydratase 2/15, 4/41  
 Nm1816: conserved, possible DNA-binding, hypothetical protein 93/12  
 Nm1819: conserved hypothetical protein 12/35, 92/21  
 Nm1820: *gpxA*, glutathione peroxidase 1/13  
 Nm1886: *nor*, nitric oxide reductase 4/30, 8/38, 10/7, 12/43, 13/20, 67/32, 80/16  
 Nm1887: *aniA*, nitrite reductase 17/6  
 Nm1892: conserved hypothetical protein 2/27  
 Nm1894: *serC*, phosphoserine aminotransferase 36/4

---

Nm1900: possible haemolysin 8/12  
 Nm1901: possible sodium-alanine symporter 2/9, 22/5  
 Nm1920: *apt*, adenine phosphoribosyltransferase 9/35, 13/35, 34/1, 49/6  
 Nm1921: conserved hypothetical protein 58/4, 86/44  
 Nm1925: *hmbR*, haemoglobin receptor 11/19, 25/40, 62/9  
 Nm1928: hypothetical integral membrane protein 93/33  
 Nm1929: hypothetical integral membrane protein 9/40  
 Nm1934: *gcvP*, glycine dehydrogenase 4/23, 18/39, 21/35, 32/27, 47/4  
 Nm1935: unknown 59/44, 95/10  
 Nm1936: probable cytochrome 71/35  
 Nm1937: *tyrB*, aromatic amino acid aminotransferase 2/30, 20/19, 47/36, 57/6, 63/23  
 Nm1938: *trmA*, tRNA (uracil-5-)-methyltransferase 16/21  
 Nm1939: *aroC*, chorismate synthase 88/14  
 Nm1940: unknown 23/31, 94/19  
 Nm1944: *ldhA*, D-lactate dehydrogenase 60/10  
 Nm1946: conserved hypothetical protein 18/28  
 Nm1951: unknown 4/6, 37/39  
 Nm1953: unknown 80/23  
 Nm1957: *fabF2*, 3-oxoacyl-(acyl-carrier-protein) synthase II 11/44, 17/8  
 Nm1958: *lgtF*,  $\beta$ -1,4-glucosyltransferase 3/15', 23/19', 57/11'', 71/8'', 71/10''  
 Nm1960: unknown 2/11  
 Nm1961: probable integral membrane ion transporter 10/12  
 Nm1969: *mtrD*, probable drug efflux protein 36/36  
 Nm1970: *mtrC*, membrane fusion protein 76/30, 92/42  
 Nm1973: hypothetical integral membrane protein 2/40, 12/2  
 Nm1975: possible integral membrane protein 27/20, 94/9  
 Nm1983: *exbD*, biopolymer transport protein 85/3  
 Nm1984: *exbB*, biopolymer transport protein 37/33  
 Nm1996: *natD'*, possible periplasmic type I secretion system protein, N-terminal region 6/42

---

Nm2007: unknown 12/24  
 Nm2009: unknown 3/10  
 Nm2010: hypothetical protein 5/10, 49/17  
 Nm2011: conserved hypothetical protein 94/36, 95/36  
 Nm2012: conserved hypothetical protein 43/12

Nm1617: *sodC*, superoxide dismutase 1/47  
 Nm1639: probable integral membrane protein 61/48  
 Nm1642: *porA*, porin, class I outer membrane protein 6/4  
 Nm1645: possible lipoprotein 92/13  
 Nm1646: phospholipase D-family protein 8/36, 14/4, 40/22, 95/48  
 Nm1647: probable integral membrane protein 4/14, 10/3, 27/35  
 Nm1660: *rep*, ATP-dependent DNA helicase 22/2  
 Nm1665: possible DNA polymerase III subunit 3/48, 9/27  
 Nm1679: *ppX/gppA*, possible exophosphatase 4/44  
 Nm1687: probable glutamate dehydrogenase 15/36  
 Nm1689: possible regulatory protein 9/9  
 Nm1690: unknown 11/4

Nm1702: *rbh*, ribonuclease 6/34', 8/39'  
 Nm1709: binding-protein-dependent transport systems inner membrane protein 3/28, 8/9  
 Nm1715: possible integral membrane protein 11/20  
 Nm1720: unknown 8/26  
 Nm1722: possible cis-trans isomerase 3/47  
 Nm1723: possible proline-rich repeat protein 96/24  
 Nm1727: *rfaF*, ADP-heptose:LPS heptosyltransferase II 70/7  
 Nm1731: conserved hypothetical protein 94/27  
 Nm1740: *lbpB*, lactoferrin-binding protein 37/17  
 Nm1751: possible *gntR*-family transcriptional regulator 90/30  
 Nm1754: unknown 14/35  
 Nm1755: *purN*, phosphoribosylglycinamide transformylase 2/2  
 Nm1756: possible peptidyl-prolyl isomerase 1/42, 15/10  
 Nm1765: *ilvH*, acetolactate synthase isozyme III small subunit 52/29  
 Nm1767: possible lipoprotein 96/34  
 Nm1771: *hisC*, histidinol-phosphate aminotransferase 19/39  
 Nm1775: partial ORF 93/46  
 Nm1778: possible secreted protease 35/1  
 Nm1783: AraC-family transcriptional regulator 51/3  
 Nm1785: conserved hypothetical integral membrane protein 96/15  
 Nm1786: possible polyamine permease substrate-binding protein 29/6, 96/5

Nm1812: *fumA*, fumarate hydratase 2/15, 4/41  
 Nm1816: conserved, possible DNA-binding, hypothetical protein 93/12  
 Nm1819: conserved hypothetical protein 12/35, 92/21  
 Nm1820: *gpxA*, glutathione peroxidase 1/13  
 Nm1886: *nor*, nitric oxide reductase 4/30, 8/38, 10/7, 12/43, 13/20, 67/32, 80/16  
 Nm1887: *aniA*, nitrite reductase 17/6  
 Nm1892: conserved hypothetical protein 2/27  
 Nm1894: *serC*, phosphoserine aminotransferase 36/4

Nm1900: possible haemolysin 8/12  
 Nm1901: possible sodium-alanine symporter 2/9, 22/5  
 Nm1920: *apt*, adenine phosphoribosyltransferase 9/35, 13/35, 34/1, 49/6  
 Nm1921: conserved hypothetical protein 58/4, 86/44  
 Nm1925: *hmbR*, haemoglobin receptor 11/19, 25/40, 62/9  
 Nm1928: hypothetical integral membrane protein 93/33  
 Nm1929: hypothetical integral membrane protein 9/40  
 Nm1934: *gcvP*, glycine dehydrogenase 4/23, 18/39, 21/35, 32/27, 47/4  
 Nm1935: unknown 59/44, 95/10  
 Nm1936: probable cytochrome 71/35  
 Nm1937: *tyrB*, aromatic amino acid aminotransferase 2/30, 20/19, 47/36, 57/6, 63/23  
 Nm1938: *trmA*, tRNA (uracil-5-)-methyltransferase 16/21  
 Nm1939: *aroC*, chorismate synthase 88/14  
 Nm1940: unknown 23/31, 94/19  
 Nm1944: *ldhA*, D-lactate dehydrogenase 60/10  
 Nm1946: conserved hypothetical protein 18/28

44/163

## Figure 2A (suite)

Nm2016: *speB*, agmatinase 1/46', 42/46'  
 Nm2020: possible integral membrane protein 92/18  
 Nm2021: possible phospholipase 3/38  
 Nm2028: *amiC*, N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase 78/47  
 Nm2029: unknown 7/21  
 Nm2036: unknown within a region of low G+C % 56/23  
 Nm2038: *recO*, DNA repair protein 16/44  
 Nm2040: possible integral membrane efflux protein 95/33  
 Nm2046: hypothetical integral membrane protein 11/18  
 Nm2048: conserved hypothetical protein 41/12, 81/22  
 Nm2052: *acnA*, aconitate hydratase 38/25  
 Nm2054: *prpC*, citrate synthase 2 8/28, 91/29, 96/30  
 Nm2069: probable integral membrane protein 3/4, 31/5  
 Nm2076: conserved hypothetical protein 13/2  
 Nm2078: possible thiol-disulphide interchange protein 2/31, 24/13  
 Nm2083: *putP*, sodium/proline symporter 30/33  
 Nm2084: *putA*, bifunctional PutA protein 13/42, 16/10  
 Nm2086: *xthA*, exodeoxyribonuclease III 86/31  
 Nm2092: *nadB*, L-aspartate oxidase 2/4, 47/24  
 Nm2098: *mapA*, possible maltose phosphorylase 5/34  
 Nm2099: *galM*, aldose 1-epimerase (mutarotase) 11/10

---

Nm2100: possible maltose/H<sup>+</sup> symporter 9/38, 70/40  
 Nm2101: ABC transporter ATP-binding protein 1/19', 5/18', 14/4, 38/23, 90/44  
 Nm2113: *mafB2*, adhesin 2/7, 4/42, 10/32, 38/24  
 Nm2118: hypothetical protein within a region of low G+C % 12/32, 24/11, 68/23  
 Nm2120: hypothetical protein within a region of low G+C % 3/23, 78/24  
 Nm2122: hypothetical protein within a region of low G+C % 20/13, 29/3  
 Nm2123: *frpC'*, possible partial CDS 16/30  
 Nm2124: possible outer membrane protein 43/5  
 Nm2129: *aroE*, shikimate dehydrogenase 49/7  
 Nm2130: *mtgA*, monofunctional biosynthetic peptidoglycan transglycosylase 52/6  
 Nm2131: possible ABC transporter ATP-binding protein 13/10  
 Nm2136: *tal*, transaldolase 92/9  
 Nm2137: hypothetical protein within a region of low G+C % 11/14', 11/42', 96/47  
 Nm2140: conserved hypothetical protein 1/11, 4/13, 66/4  
 Nm2142: possible periplasmic hypothetical protein 46/40  
 Nm2145: possible morphogene 19/45, 23/18, 32/22, 75/47  
 Nm2146: *tspA*, *Neisseria*-specific antigen protein 9/9  
 Nm2151: *ilvE*, probable branched-chain amino acid aminotransferase 41/31, 66/34  
 Nm2155: *pilG*, pilus-assembly protein 2/19, 14/45, 25/19, 67/33, 85/28  
 Nm2156: *pilD*, prepilin leader peptidase 4/16  
 Nm2158: conserved hypothetical protein 1/10  
 Nm2159: *pilF*, type IV pilus assembly protein 73/27  
 Nm2167: hypothetical protein 1/12  
 Nm2168: *emrB*, multidrug resistance translocase 33/39, 57/48  
 Nm2171: conserved hypothetical inner membrane protein 4/35, 6/20  
 Nm2172: conserved hypothetical protein, possible peptidase 6/38  
 Nm2174: conserved hypothetical protein 6/41  
 Nm2175: *vapA*, possible virulence associated protein 29/25  
 Nm2178: conserved hypothetical protein 2/48  
 Nm2180: *aroG*, phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase 78/10  
 Nm2183: *opcB*, outer membrane protein 32/30  
 Nm2186: hypothetical protein 19/22  
 Nm2189: hypothetical inner membrane protein 2/6', 2/10'  
 Nm2193: possible TonB-dependent receptor protein 71/23

---

Nm2200: *dinG*, probable ATP-dependent DNA helicase 83/44  
 Nm2204: hypothetical protein 1/23, 3/12  
 Nm2212: *trpC*, indole-3-glycerol phosphate synthase 83/13

Nm1951: unknown 4/6, 37/39  
 Nm1953: unknown 80/23  
 Nm1957: *fabF2*, 3-oxoacyl-(acyl-carrier-protein) synthase II 11/44, 17/8  
 Nm1958: *lgtF*,  $\beta$ -1,4-glucosyltransferase 3/15', 23/19', 57/11'', 71/8'', 71/10''  
 Nm1960: unknown 2/11  
 Nm1961: probable integral membrane ion transporter 10/12  
 Nm1969: *mtrD*, probable drug efflux protein 36/36  
 Nm1970: *mtrC*, membrane fusion protein 76/30, 92/42  
 Nm1973: hypothetical integral membrane protein 2/40, 12/2  
 Nm1975: possible integral membrane protein 27/20, 94/9  
 Nm1983: *exbD*, biopolymer transport protein 85/3  
 Nm1984: *exbB*, biopolymer transport protein 37/33  
 Nm1996: *natD'*, possible periplasmic type I secretion system protein, N-terminal region 6/42  
  
 Nm2007: unknown 12/24  
 Nm2009: unknown 3/10  
 Nm2010: hypothetical protein 5/10, 49/17  
 Nm2011: conserved hypothetical protein 94/36, 95/36  
 Nm2012: conserved hypothetical protein 43/12  
 Nm2016: *speB*, agmatinase 1/46', 42/46'  
 Nm2020: possible integral membrane protein 92/18  
 Nm2021: possible phospholipase 3/38  
 Nm2028: *amiC*, N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase 78/47  
 Nm2029: unknown 7/21  
 Nm2036: unknown within a region of low G+C % 56/23  
 Nm2038: *recO*, DNA repair protein 16/44  
 Nm2040: possible integral membrane efflux protein 95/33  
 Nm2046: hypothetical integral membrane protein 11/18  
 Nm2048: conserved hypothetical protein 41/12, 81/22  
 Nm2052: *acnA*, aconitate hydratase 38/25  
 Nm2054: *prpC*, citrate synthase 2 8/28, 91/29, 96/30  
 Nm2069: probable integral membrane protein 3/4, 31/5  
 Nm2076: conserved hypothetical protein 13/2  
 Nm2078: possible thiol-disulphide interchange protein 2/31, 24/13  
 Nm2083: *putP*, sodium/proline symporter 30/33  
 Nm2084: *putA*, bifunctional PutA protein 13/42, 16/10  
 Nm2086: *xthA*, exodeoxyribonuclease III 86/31  
 Nm2092: *nadB*, L-aspartate oxidase 2/4, 47/24  
 Nm2098: *mapA*, possible maltose phosphorylase 5/34  
 Nm2099: *galM*, aldose 1-epimerase (mutarotase) 11/10  
  
 Nm2100: possible maltose/H<sup>+</sup> symporter 9/38, 70/40  
 Nm2101: ABC transporter ATP-binding protein 1/19', 5/18', 14/4, 38/23, 90/44  
 Nm2113: *mafB2*, adhesin 2/7, 4/42, 10/32, 38/24  
 Nm2118: hypothetical protein within a region of low G+C % 12/32, 24/11, 68/23  
 Nm2120: hypothetical protein within a region of low G+C % 3/23, 78/24  
 Nm2122: hypothetical protein within a region of low G+C % 20/13, 29/3  
 Nm2123: *frpC'*, possible partial CDS 16/30  
 Nm2124: possible outer membrane protein 43/5  
 Nm2129: *aroE*, shikimate dehydrogenase 49/7  
 Nm2130: *mtgA*, monofunctional biosynthetic peptidoglycan transglycosylase 52/6  
 Nm2131: possible ABC transporter ATP-binding protein 13/10  
 Nm2136: *tal*, transaldolase 92/9  
 Nm2137: hypothetical protein within a region of low G+C % 11/14', 11/42', 96/47  
 Nm2140: conserved hypothetical protein 1/11, 4/13, 66/4  
 Nm2142: possible periplasmic hypothetical protein 46/40  
 Nm2145: possible morphogene 19/45, 23/18, 32/22, 75/47  
 Nm2146: *tspA*, *Neisseria*-specific antigen protein 9/9  
 Nm2151: *ilvE*, probable branched-chain amino acid aminotransferase 41/31, 66/34  
 Nm2155: *pilG*, pilus-assembly protein 2/19, 14/45, 25/19, 67/33, 85/28

45/163

## Figure 2A (suite)

Nm2216: possible hydrolase 75/11

Nm2218: possible tRNA/rRNA methyltransferase 1/15

Nm2223: probable ABC transporter 16/9

Nm2225: *xseB*, exodeoxyribonuclease small subunit 42/37Nm188 or Nm205: *rfaA*, glucose-1-phosphate thymidyltransferase 27/38', 35/36', 35/39', 37/2', 58/8Nm293 or Nm609: *pilC2* or *pilC1*, pilus-associated protein 5/42Nm525 or Nm527: *lgtB*, lacto-N-neotetraose biosynthesis glycosyl tranferase 3/39

Nm690 or Nm692: unknown 91/33

Nm788 or Nm1626: *fipA* or *fipC*, exotoxin 3/17, 4/36', 7/36', 9/1, 13/41, 18/36, 19/7, 21/17'', 24/17'', 27/28, 65/27, 67/22

Nm1167 or Nm1999: possible phage protein 12/37, 18/37

Nm1169 or Nm2001: unknown 78/44

Nm1196 or Nm1310: unknown 8/44

Nm1186 or Nm1301: unknown 49/23, 56/37

Nm1313 or Nm1852: unknown 20/16

Nm1780 or Nm1781: doubtful ORFs 94/44

NmB65: hypothetical protein 61/44, 77/4

NmB69: *siaB*, polysialic acid capsule biosynthesis protein 28/22NmB70: *synX*, polysialic acid capsule biosynthesis protein 77/19

NmB91: hypothetical protein 1/4

NmB98: ABC transporter, ATP-binding protein 7/23, 65/6, 69/1

NmB223: hypothetical protein 30/6

NmB372: hypothetical protein 84/20

NmB493: hemagglutinin/hemolysin-related protein 11/1, 12/1

NmB648: hypothetical protein 5/40

NmB653: MafB-related protein 12/21

NmB896: integrase 16/22, 43/15, 94/14

NmB1502: hypothetical protein 4/3, 76/31

NmB1603 tellurite resistance protein 28/10

NmB1759: conserved hypothetical protein 9/10

NmB1768: hemagglutinin/hemolysin-related protein 67/27

NmB1771: hypothetical protein 29/41

NmB1772: hypothetical protein 16/25

NmB1829: TonB-dependent receptor 4/32, 47/2

NmB1830: putative phosphoglycolate phosphatase 4/10

NmB1854: hypothetical protein 43/48

NmB1926: *lgtE*, lacto-N-neotetraose biosynthesis glycosyl transferase 79/25

NmB2132: transferrin-binding protein-related protein 93/5

NmB497 or NmB1779: hemagglutinin/hemolysin-related protein 14/26, 17/21

Nm2156: *pilD*, prepilin leader peptidase 4/16  
 Nm2158: conserved hypothetical protein 1/10  
 Nm2159: *pilF*, type IV pilus assembly protein 73/27  
 Nm2167: hypothetical protein 1/12  
 Nm2168: *emrB*, multidrug resistance translocase 33/39, 57/48  
 Nm2171: conserved hypothetical inner membrane protein 4/35, 6/20  
 Nm2172: conserved hypothetical protein, possible peptidase 6/38  
 Nm2174: conserved hypothetical protein 6/41  
 Nm2175: *vapA*, possible virulence associated protein 29/25  
 Nm2178: conserved hypothetical protein 2/48  
 Nm2180: *aroG*, phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase 78/10  
 Nm2183: *opcB*, outer membrane protein 32/30  
 Nm2186: hypothetical protein 19/22  
 Nm2189: hypothetical inner membrane protein 2/6', 2/10'  
 Nm2193: possible TonB-dependent receptor protein 71/23  
  
 Nm2200: *dinG*, probable ATP-dependent DNA helicase 83/44  
 Nm2204: hypothetical protein 1/23, 3/12  
 Nm2212: *trpC*, indole-3-glycerol phosphate synthase 83/13  
 Nm2216: possible hydrolase 75/11  
 Nm2218: possible tRNA/rRNA methyltransferase 1/15  
 Nm2223: probable ABC transporter 16/9  
 Nm2225: *xseB*, exodeoxyribonuclease small subunit 42/37  
  
 Nm188 or Nm205: *rfaH*, glucose-1-phosphate thymidyltransferase 27/38', 35/36', 35/39', 37/2', 58/8  
 Nm293 or Nm609: *pilC2* or *pilC1*, pilus-associated protein 5/42  
Nm525 or Nm527: *lgtB*, lacto-N-neotetraose biosynthesis glycosyl tranferase 3/39  
 Nm690 or Nm692: unknown 91/33  
 Nm788 or Nm1626: *fpa* or *fpc*, exotoxin 3/17, 4/36', 7/36', 9/1, 13/41, 18/36, 19/7, 21/17'', 24/17'', 27/28, 65/27, 67/22  
 Nm1167 or Nm1999: possible phage protein 12/37, 18/37  
 Nm1169 or Nm2001: unknown 78/44  
 Nm1196 or Nm1310: unknown 8/44  
 Nm1186 or Nm1301: unknown 49/23, 56/37  
 Nm1313 or Nm1852: unknown 20/16  
 Nm1780 or Nm1781: doubtful ORFs 94/44  
  
NmB65: hypothetical protein 61/44, 77/4  
 NmB69: *siaB*, polysialic acid capsule biosynthesis protein 28/22  
 NmB70: *synX*, polysialic acid capsule biosynthesis protein 77/19  
 NmB91: hypothetical protein 1/4  
 NmB98: ABC transporter, ATP-binding protein 7/23, 65/6, 69/1  
 NmB223: hypothetical protein 30/6  
 NmB372: hypothetical protein 84/20  
 NmB493: hemagglutinin/hemolysin-related protein 11/1, 12/1  
 NmB648: hypothetical protein 5/40  
 NmB653: MafB-related protein 12/21  
 NmB896: integrase 16/22, 43/15, 94/14  
 NmB1502: hypothetical protein 4/3, 76/31  
 NmB1603 tellurite resistance protein 28/10  
 NmB1759: conserved hypothetical protein 9/10  
 NmB1768: hemagglutinin/hemolysin-related protein 67/27  
NmB1771: hypothetical protein 29/41  
 NmB1772: hypothetical protein 16/25  
 NmB1829: TonB-dependent receptor 4/32, 47/2  
 NmB1830: putative phosphoglycolate phosphatase 4/10  
 NmB1854: hypothetical protein 43/48  
NmB1926: *lgtE*, lacto-N-neotetraose biosynthesis glycosyl transferase 79/25  
 NmB2132: transferrin-binding protein-related protein 93/5  
 NmB497 or NmB1779: hemagglutinin/hemolysin-related protein 14/26, 17/21

Figure 2B

	703,864 Nm715	# 1,221,368	NmB91	1,415,494	repeats		1,568,211
2,126,264	2,105,217 Nm2158	2,088,655 Nm2140	2,112,160 Nm2167	1,767,971 Nm1820	658,297 Nm670	2,172,491 Nm2218	2,074,248
2,084,953		2,054,730 Nm2101		236,709 Nm251	2,123,512	2,153,822 Nm2204	948,069 Nm982
1,460,109		repeats	886,418 Nm909		repeats	1,460,937 Nm1558	1,238,879 Nm1334
				857,399 Nm884	272,128 Nm287	878,672 Nm905	687,649 Nm696
	1,698,665 Nm1756	666,979 Nm679	64,843 Nm70	?	1,951,943 Nm2016	1,521,873 Nm1617	927,411 Nm962

POOL 1

Figure 2B (Suite)

685,934	1,698,113 Nm1755		2,045,802 Nm2092	?	2,136,820 Nm2189	2,068,820 Nm2113	1,176,767 Nm1249
1,829,713 Nm1901	2,136,820 Nm2189	1,895,085 Nm1960	1,368,594	# 577,460 Nm602	703,371 Nm714	1,756,638 Nm1812	385,514 Nm414
2,127,931	374,049	2,103,202 Nm2155	1,768,357	?		repeats	1,207,685
	279,824 Nm293	1,818,091 Nm1892	1,147,952	repeats	1,869,663 Nm1937	2,027,616 Nm2078	
	?	?	1,469,783 Nm1565	?	1,810,265	1,020,046 Nm1062	1,910,464 Nm1973
repeats			# 343,864	910,624 Nm941	965,796 Nm1001		2,125,540 Nm2178

POOL 2



Figure 2B (Suite)

568,686	806,502	49,167	2,018,920	1,437,482	2,005,571	503,304
Correia			Nm2069	Nm1541		Nm524
?	1,942,983	1,083,831	2,153,985	1,276,911	# 1,893,655	?
	Nm2009	Nm1136	Nm2204		Nm1958	
?	?	685,663	1,336,951		repeats	674,196
FrpA/FrpC		Nm693			Nm2120	Nm688
754,958	62,408	1,568,177	1,641,852		401,037	repeats
Correia			Nm1709		Nm348	
	repeats		1,343,347	890,346	1,958,330	repeats
			Nm1448	Nm915	Nm2021	
repeats		1,237,170	77,675	?	LgtB1/LgtB2	
		Nm1331			1,653,607	1,584,660
					Nm1722	Nm1665

POOL 3

Figure 2B (Suite)

	349,670	NmB1502	695,383	343,862	1,887,296	684,371	?
1,350,469	NmB1830		1,065,606	2,088,549	Nm1951	Nm692	2,104,164
Nm1456				Nm2140	Nm1647		Nm2156
419,047	?	709,626	931,104		?	1,865,887	379,058
Nm445		Nm720				Nm1934	Nm409
1,362,832		?	905,094	1,035,280	1,810,015	?	NmB1829
Nm1467			Nm935	Nm1087	Nm1886		
338,703	2,107,269	2,115,910	?	55,614	1,261,610	1,094,698	635,555
Nm365		Nm2171	FrpA/FrpC	Nm60	Nm1363	Nm1145	
1,756,874	2,067,856		1,602,529	1,343,457	15,654		
Nm1812	Nm2113		Nm1679	Nm1448	Correia		

POOL 4

Figure 2B (Suite)

1,016,505	2,039,081		472,245			923,380	948,460
Nm1056			Nm485			Nm955	
?	1,943,994	1,612,586	repeats		595,277	932,245	?
	Nm2010				Nm618	Nm968	
839,895	2,054,730	1,820,075			# 1,089,503	1,926,443	
Correia	Nm2101						
306,288	?	?	1,405,189	1,089,647	801,597	33,202	# 1,465,366
Nm325			Nm1507		Nm820	Nm39	
	2,051,725	1,354,690	214,973	1,174,994	83,201	1,377,702	NmB648
	Nm2098	Nm1461	Nm225	Nm1248	Nm84	Nm1482	
873,622	?	1,204,530	?	?	384,917	702,612	
Nm904	PtIC1/PtIC2	Nm1276			Nm414	Nm714	

POOL 5

Figure 2B (Suite)

?	1,015,304		1,552,951	786,706	911,076	repeats	826,894
	Nm1054		Nm1642	Nm801	Nm942		Nm845
390,345	734,004	?	487,348	repeats	repeats	590,156	812,450
Nm422	Nm740		Nm506				
	# 1,013,309	483,345	2,115,983		1,324,691	# 1,481,782	repeats
		Nm503	Nm2171			Nm1575	
489,641	1,536,678		976,660	265,362	1,187,524	repeats	# 1,465,368
			Nm1012	Nm279			
1,136,459	1,633,105	965,302	1,277,441		2,228,347	2,054,513	333,694
Nm1195	Nm1702	Nm1001			Nm2172		
2,120,475	1,934,871	463,974		704,647	614,119	860,806	1,149,676
Nm2174	Nm1996	Nm478		Nm715	Nm631	Nm888	Nm1206

POOL 6

Figure 2B (Suite)

876,733 Nm905		?		1,319,200 Nm1421	618,039		1,205,001
722,895 Nm730	# 785,373 Nm800	810,111 Nm827		913,047 Nm944	1,428,643 Nm1533	1,158,431	631,905 Nm646
686,146 Nm694	343,971 Nm372	1,820,075	717,665 Nm725	# 1,973,097 Nm2029	620,285 Nm636	NmB98	repeats
554,460 Nm580	1,170,289 Nm1243	1,038,614 Nm1090	repeats	718,183	997,777 Nm1037	1,370,110 Nm1475	# 1,465,368
947,591 Nm982		1,034,406 Nm1086	? FrpA/FrpC	138,690 Nm155	1,190,428	14,916 Nm18	937,945 Nm973
	687,915 Nm696	?	481,434 Nm499	2,075,630	745,727 Nm753	1,314,152 Nm1415	

POOL 7

Figure 2B (Suite)

644	1,352,235	1,445,893	1,499,525	343,862	2,115,836	150,856	1,369,492
Nm2		Nm1547	Nm1592			Nm165	Nm1475
1,642,041		2,044,450	1,828,682	2,115,219	?	150,856	
Nm1709			Nm1900			Nm165	
	1,369,492	1,820,075	1,245,859	507,967	983,878	491,581	1,407,434
	Nm1475			Correia	Nm1022	Nm512	
	1,652,248	343,971	2,000,303	666,354	303,392	933,246	1,265,402
	Nm1720	Nm372	Nm2054		Nm319		Nm1366
?	1,269,148	?	1,560,853	1,983,878	1,809,404	1,633,105	873,344
	Nm1369		Nm1646	repeats	Nm1886	Nm1702	Nm904
12,174	958,750	1,359,833	?	707,683	repeats	807,717	
Nm15	Nm995	Nm1466	Nm1196 or 1310			Nm826	

POOL 8

Figure 2B (Suite)

?	repeats	repeats	955,198	609,648	441,981
FrpA/FrpC				Nm629	
2,093,221	NmB1759	1,755,247	# 841,843	1,276,911	644,221
Nm2146			Nm865		1,339,758
18,431		1,117,688	2,084,938	435,022	Nm1445
Nm22		Nm1164		Nm457	886,670
874,549		1,585,203	959,423	repeats	Nm909
Nm905		Nm1665	Nm995		2,054,565
	838,871	1,852,051	798,220	55,167	2,054,319
		Nm1920	Nm817	Nm60	Nm2100
	163,763	892,261	2,042,752	# 1,901,617	1,069,137
	Nm182			Nm1966	Nm1118
					1,566,007
					1,489,574
					Nm1584

POOL 9

Figure 2B (Suite)

	503,134	1,562,753	610,203			1,808,086	?
	Nm524	Nm1647	Nm630			Nm1886	
352,213	775,797	?	1,896,645	654,467	420,833	1,415,342	1,028,000
Nm382			Nm1961		Nm445		Nm1074
1,036,914	722,796		1,315,653	682,133	1,425,908	2,001,393	747,045
	Nm730		Nm1417	Nm690	Nm1528		
repeats	?	2,100,166	repeats		2,054,565		2,068,748
							Nm2113
637,874	1,379,195			1,719,627			822,846
Nm650	Nm1483						
	1,307,638	278,168	745,346			383,780	
	Nm1409	Nm292				Nm413	

POOL 10



Figure 2B (Suite)

NmB493	349,670		1,614,134	851,590		232,002	420,833
# 799,823	2,052,437	1,459,278	Nm1690	Nm873		Nm247	Nm445
Nm818	Nm2099	Nm1557	Nm1363	Nm1073	Nm2137	1,696,334	Nm247
# 483,902	1,990,827	1,857,005	1,646,465	?	947,390	1,605,658	718,555
Nm503	Nm2046	Nm1925	Nm1715		Nm981		Nm726
1,082,665	747,103	1,354,680	572,705	?	1,395,005	1,292,265	1,277,299
Nm1134		Nm1460	Nm600			Nm1393	Nm1373
639,823		1,478,537		?	1,253,541	?	
Nm654		Nm1574			Nm1356		
1,107,042	2,086,269	repeats	1,892,121	1,123,351			
	Nm2137		Nm1957	Nm1174			

POOL 11

Figure 2B (Suite)

NmB493	1,911,190	repeats		209,739	1,483,767	236,618	786,706
	Nm1973			Nm221	Nm1577	Nm251	Nm801
repeats	# 1,165,235			298,612		1,253,625	
	Nm1234					Nm1356	
236,490	1,132,888	236,618		NmB653		?	1,941,704
Nm251	Nm1186	Nm251					Nm2007
415,186		?	298,306		2,051,828	1,306,890	2071193
Nm441			Nm307		Correia	Nm1408	Nm2118
	878,949	1,767,075	341,230	?	repeats	1,057,731	
	Nm905	Nm1819	Nm368	Nm1167/Nm1999		Nm1110	
		1,808,168		741,849	1,245,699	2,060,827	
		Nm1886		Nm750	Nm1341		

POOL 12

Figure 2B (Suite)

	2,025,485			1,301,518	994,646	1,103,757	
	Nm2076			Nm1401	Nm1034	Nm1152	
	2,082,006		1,097,438	repeats	repeats		180,821
	Nm2131						Nm198
		390,462	1,809,978				
		Nm422	Nm1886				
745,160	?			# 2,071,060	# 1,679,952	139,199	# 1,465,368
				Nm2117	Nm1740	Nm155	
366,813		1,852,051	repeats	92,107		1,380,378	
Nm397		Nm1920				Nm1485	
?	2,032,849	303,532	1,414,499			62,001	
FrpA/C	Nm2084	Nm320	Nm1519				

POOL 13

Figure 2B (Suite)

		1,390,528	1,560,805			709,875	1,184,706
		Nm1491	Nm1646			Nm720	Nm1255
1,417,135		1,378,089	-		2,054,792		
		Nm1483			Nm2101		
						1,696,173	1,152,464
						Correia	Nm1207
567,352	NmB497 or 1779			815,550		675,200	297,511
Nm594				Nm832		Nm688	
745,160		1,697,450	948,460	1,520,153		1,301,518	1,401,731
		Nm1754				Nm1401	
	1,083,772		1,290,607	2,102,277	70,533	?	417,289
	Nm1136			Nm2155	Nm73		

POOL 14

Figure 2B (Suite)

973,938	2,075,448			1,495,207	1,332,096		1,972,429
Nm1008				Nm1590	Nm1438		
214,969	1,698,716	1,084,893	1,858,309	# 541,225	62,406	2,075,433	782,166
Nm225	Nm1756			Nm567			
666,947		1,232,670	175,446	223,973	611,239	77,675	1,099,411
Nm679		Nm1325	Nm193		Nm631		Nm1149
	1,032,157						472,929
	Nm1084						Nm486
	?	1,366,559	1,611,297				704,647
		Nm1473	Nm1687				Nm715
			?			31,414	1,381,289
							Nm1485

POOL 15

Figure 2B (Suite)

274,161 Nm289	674,198 Nm688			239,262 Nm255	1,095,984 Nm1148		
2,176,234 Nm223	2,033,365 Nm2084		repeats	1,204,534 Nm1276		# 625,143 Nm639	?
# 483,902 Nm503			219,573 Nm233	1,870,725 Nm1938	NmB896		
NmB1772	?				# 2,074,494 Nm2123	# 928,376	repeats
7,561 Nm10	1,068,213	FrpA/C		1,295,073 Nm1395		957,570 Nm994	
		1,106,063	1,979,533 Nm2038	472,082 Nm485			

POOL 16

Figure 2B (Suite)

			178,647 Nm195	1,810,615 Nm1887		1,892,522 Nm1957
		70,176 Nm73				2,038,918
			?			
			NmB497 or 1779			
			948,920	?	1,833,197	2,157,77
335,167						

POOL 17

Figure 2B (Suite)

			1,009,610 Nm1048					?
792,595				363,135	1,222,899 Nm1313		178,647 Nm195	753,229 Nm762
			1,059,662 Nm1111	618,007	1,307,751 Nm1409		298,638	
1,413,590 Nm1518	?			1,880,098 Nm1946			1,225,309 Nm1315	1,810,158
346,481 Nm374	2,002,551			FrpA/FrpC	? Nm1167/Nm1999	346,481 Nm374	1,867,553 Nm1934	
repeats				1,095,057 Nm1146		153,926	# 1,859,121	40,553 Nm48

POOL 18



Figure 2B (Suite)

166,036 Nm184	repeats		1,418,510 Nm1523	1,177,109 Nm1250	1,328,654 Nm1435	FrpA/C	796,864 Nm816
	1,476,286		1,039,018 Nm1090	236,490 Nm251	168,270 Nm185		311,848
1,429,874		746,538 Nm753	333,579	# 1,406,958 Nm1508	2,129,971 Nm2186		854,264 Nm879
1,605,658		745,076 Nm752		1,264,321 Nm1365			
639,823 Nm654	1,353,165 Nm1459		555,530 Nm582	1,397,846 Nm1500		1,717,473 Nm1771	
		147,988 Nm162	60,962 Nm65	2,091,395 Nm2145	repeats		1,484,721 Nm1579

POOL 19

Figure 2B (Suite)

1,499,525 Nm1592		repeats	325,573 Nm348			18,989 Nm24	1,633,760
523,612 Nm546				2,073,687 Nm2122	1,654,150	390,345 Nm422	? Nm1313/1852
	931,104	1,870,638 Nm1937					76,633 Nm77
		683,971 Nm692		repeats			
	1,095,984 Nm1148	1,417,135					1,204,632 Nm1276
			16,188 Nm20				

POOL 20

**Figure 2B (Suite)**

[illegible]

**POOL 21**

Figure 2B (Suite)

	1,577,038 Nm1660			1,830,389 Nm1901			
		681,430 Nm690			168,270 Nm185		
	1,221,839 Nm1313	repeats					
1,236,888 Nm1331							
			543,611	repeats			
				328,357 Nm353			?

POOL 22

**Figure 2B (Suite)**

[illegible]

**POOL 23**

Figure 2B (Suite)

				repeats				
				2,027,698 Nm2078			33,147 Nm39	
?							1,204,377	
FrpA/FrpC								

POOL 24

Figure 2B (Suite)

				965,907 Nm1001	175,369 Nm193		
168,597 Nm185				repeats	978,564 Nm1015		1,520,153
			2,102,998 Nm2155			1,260,973 Nm1362	
1,408,644 Nm1509							
							# 1,857,813 Nm1925
				139,199 Nm155			

POOL 25



Figure 2B (Suite)

		1,117,429 Nm1163						
							7,797 Nm10	969,041

POOL 26



**Figure 2B (Suite)**

[illegible]

**POOL 27**

Figure 2B (Suite)

	NmB1603							# 1,477,021	
							NmB69		
							745,727 Nm753		
217,341 Nm228							# 1,292,541 Nm1393		
982,378 Nm1020									

POOL 28

Figure 2B (Suite)

		2,073,103 Nm2122			1,729,621 Nm1786		?
?							
2,122,885 Nm2175			785,375 Nm800				977,978 Nm1015
NmB1771	968,313 Nm1003	1,044,730	# 14,356 Nm17				

POOL 29

[illegible]

**POOL 30**

**Figure 2B (Suite)**

[illegible]

**POOL 31**

**Figure 2B (Suite)**

[illegible]

**POOL 32**

Figure 2B (Suite)

911,904 Nm942					2,084,904	
					2,113,660 Nm2168	
						1,515,641

POOL 33

Figure 2B (Suite)

1,851,986 Nm1920			1,204,052			1,056,116 Nm1108	1,151,839 Nm1206
611,024 Nm631	# 319,551				1,612,668		
	1,413,502 Nm1518		1,315,330 Nm1417				

POOL 34

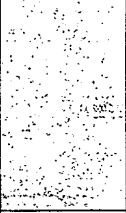


**Figure 2B (Suite)**

[illegible]

**POOL 35**

Figure 2B (Suite)

		810,726 Nm828	1,819,643 Nm1894	812,142			
			repeats		1,681,423		
			1,906,710 Nm1969	1,397,846 Nm1500			

POOL 36

Figure 2B (Suite)

	?								
	Nm188 or 205								
1,680,042 Nm1740									
						985,021 Nm1022			
1,924,258 Nm1984								1,887,137 Nm1951	

POOL 37

Figure 2B (Suite)

	271,212 Nm285								
								801,367 Correia	
								2,054,741 Nm2101	2,067,769 Nm2113
# 1,996,593 Nm2052							repeats		

POOL 38

Figure 2B (Suite)

?							
		874,236		258,675 Nm274			

POOL 39



Figure 2B (Suite)

					1,991,435 Nm2048		
711,897 Nm722				170,608 Nm186		repeats	1,057,692 Nm1110 2,098,139 Nm2151
					957,959 Nm995		

POOL 41

Figure 2B (Suite)

1,322,570 Nm1427									
				1,181,802 Nm1254					
1,690,352							?		
				2,059,496	2,178,108 Nm2225				
							1,951,943 Nm2016		

POOL 42



Figure 2B (Suite)

			1,442,807 Nm1545	2,075,312 Nm2124		181,807 Nm198
1,013,296 Nm1052			1,946,913 Nm2012	629,259 Nm643	NmB896	
1,238,616 Nm1334		1,426,582				
						NmB1854

POOL 43

Figure 2B (Suite)

				408,349 Nm433	.				
						1,277,441			
				938,077 Nm973					
168,834				repeats	1,353,588 Nm1459				repeats


POOL 44

**Figure 2B (Suite)**

[illegible]

**POOL 45**

Figure 2B (Suite)

927,175			1,290,609		325,831 Nm349	
						856,389
1,478,600 Nm1574		846879 Nm868				
		350,939 Nm380	596,375 Nm619		1,076,184 Nm1126	2,090,752 Nm2142
		342,700 Nm370			682,470 Nm691	

POOL 46

Figure 2B (Suite)

	NmB1829		1,866,786 Nm1934		398,054 Nm425	
	565,358 Nm592		258,675 Nm274		597,736 Nm619	
		1,139,697 Nm1200				2,045,558 Nm2092
		1,028,178 Nm1074				
			1,870,396 Nm1937	573,776 Nm601	997,525 Nm1037	
		2,481				142,042 Nm157

POOL 47

Figure 2B (Suite)

1,117,429 Nm1163	2,008,688		# 845,850 Nm867	675,145 Nm688	
		repeats			
	815,746 Nm832				

POOL 48

Figure 2B (Suite)

						1,852,520 Nm1920	2,079,897 Nm2129	
						229,743		
1,944,454 Nm2010							?	
					?	62,096 Nm67		
?					repeats	812,107		2,123,497

POOL 49

Figure 2B (Suite)


POOL 50



**Figure 2B (Suite)**

[illegible]

**POOL 51**

Figure 2B (Suite)

785,007 Nm800		?		2,057,927	# 2,079,961 Nm2130	?	
1,352,657 Nm1459	825,538	repeats	1,139,697 Nm1200				
		?		1,709,975 Nm1765			

POOL 52



Figure 2B (Suite)

?					

POOL 54



**Figure 2B (Suite)**

[illegible]

**POOL 56**

Figure 2B (Suite)

						1,870,396 Nm1937			
	165,931 Nm184	1,893,893 Nm1958					538,192 Nm560		
1,520,208									
14,463 Nm17						?	555,097 Nm582		
								2,113,675 Nm2168	

POOL 57

[illegible]



**Figure 2B (Suite)**

				.	# 1,063,168		
						62,406	
	1,291,501	? repeats	590,114				
		1,101,665		2,038,706			
			1,867,847 Nm1935				?

**POOL 59**

Figure 2B (Suite)

				866,234 Nm892					
		1,878,224 Nm1944							
						43,350 Nm50			
994,969 Nm1035						351,042			
								160,326	

POOL 60

Figure 2B (Suite)

			474,594 Nm489	409,823 Nm434			
				1,633,760		826,623	
			NmB65			1,547,033 Nm1639	

POOL 61

[illegible]

**POOL 62**

Figure 2B (Suite)

				1,268,930 Nm1369				
				1,435,284 Nm1540	?			
						1,870,199 Nm1937		

POOL 63

Figure 2B (Suite)

				950,279 Nm987	?			
					°			
			?					
			repeats					
				14,916 Nm18				

POOL 64

Figure 2B (Suite)

						NmB98			
2,144,642 Nm2196				?	repeats				
1,276,053 Nm1372					1,820,075				
				?	FrpA/FrpC				
									1,068,603 Nm1118
									854,264 Nm879

POOL 65

Figure 2B (Suite)

			2,088,727 Nm2140		1,485,192 Nm1579		
	?						
1,165,463							
	2,097,716 Nm2151						



Figure 2B (Suite)

		?			?		
		repeats			FripA/FripC		
314,787		NmB1768					# 1,809,345
2,102,378							Nm1886
Nm2155							

POOL 67

Figure 2B (Suite)

repeats	1,346,136 Nm1450						
		919,190 Nm952				# 1,074,971	
					534,919 Nm559	2,071,324 Nm2118	
623,563 Nm638							
?							

Figure 2B (Suite)

1,451,507						NmB98		
						785,693 Nm800		
							659,299 Nm672	

POOL 69

Figure 2B (Suite)

							1,659,548 Nm1727	
	?	748,149 Nm755		264,264 Nm279				
								2,054,025 Nm2100

Figure 2B (Suite)

	446,234 Nm465				748,149 Nm755	1,089,024 Nm1140	1,893,893 Nm1958
?	1,893,893 Nm1958		1,207,721				1,286,858
	480,137 Nm497	39,257 Nm47				2,142,378 Nm2193	
1,245,859					repeats		
		1,868,210 Nm1936				?	
		?	repeats				

POOL 71

Figure 2B (Suite)

			1,286,858	637,868 Nm650			
						?	
957388 Nm993							164,476 Nm183

Figure 2B (Suite)

				748,143 Nm755	1,142,245		
							2,144,621
	748,143 Nm755						
		2,105,751 Nm2159				964,089 Nm999	
					1,068,484 Nm1118		
		# 1,286,853					

Figure 2B (Suite)

							1,065,606	
		# 1,285,090 Nm1381						
			repeats					
								1,479,625 Nm1574

POOL 74



Figure 2B (Suite)

		2,171,290 Nm2216					473,665
	418,933 Nm445						
1,716,539			905,180 Nm935			2,091,541 Nm2145	

POOL 75

Figure 2B (Suite)

						264,485	
1,084,893				1,248,598		Nm279	
Nm1136				Nm1348		1,282,003	
						1,858,309	
					1,908,190	NmB1502	
				1,251,524	Nm1970		
				Nm1351			
			263,064			1,654,334	

Figure 2B (Suite)

				NmB65				
				1,499,525 Nm1592	?			
1,149,317 Nm1206	390,879 Nm422	NmB70						

POOL 77

**Figure 2B (Suite)**

[illegible]

**POOL 78**

**Figure 2B (Suite)**

[illegible]

**POOL 79**

**POOL 80**

[illegible]

Figure 2B (Suite)

		?				1,991,435 Nm2048	
		repeats					
						1,096,557 Nm1148	341,653 Nm369
							1,994,152

POOL 81

**Figure 2B (Suite)**

[illegible]

**POOL 82**



Figure 2B (Suite)

				1,487,405	1,027,590 Nm1073	
				2,166,913 Nm2212		
				2,148,926 Nm2200		

POOL 83

Figure 2B (Suite)

?	345,511 Nm374						
1,035,282 Nm1087			NmB372				

POOL 84

Figure 2B (Suite)

		1,923,674 Nm1983							
									?
								1,429,531	
873,289 Nm904				2,102,686 Nm2155					

POOL 85

Figure 2B (Suite)

168,432 Nm185			1,404,807 Nm1507				
					2,039,301 Nm2086		
				1,853,253 Nm1921			

POOL 86

Figure 2B (Suite)

						673,742 Nm688			
					1,612,674				1,316,522 Nm1418
									1,333,468 Nm1440
					983,518				

POOL 87

[illegible]

**POOL 88**

Figure 2B (Suite)

# 857,839 Nm884								1,189,931 Nm1263

POOL 89

Figure 2B (Suite)

			1,022,411			943,634 Nm977	
	1,475,430 Nm1571	945,311 Nm979		?			
		1,404,807 Nm1507	?	753,485 Nm762	1,695,410 Nm1751		
1,901,182	739,862 Nm747		509,985 Nm531				328,357 Nm353
		1,248,814	2,056,120 Nm2101	625,404 Nm639		1,328,414 Nm1435	

POOL 90



Figure 2B (Suite)

	571,814 Nm599	1,321,363 Nm1425					
1,613,820 Nm1689						1,443,339	
				2,000,734 Nm2054			
?							?
Nm690 or 692							
595,277 Nm618		2,109,838				289,906	

POOL 91

Figure 2B (Suite)

	780,313		976,649	1,369,405			
	Nm796		Nm1012	Nm1475			
2,085,389	148,703	243,185	1,369,405	1,558,864		734,251	
Nm2136		Nm259	Nm1475	Nm1645		Nm741	
	1,956,664			1,767,251	1,269,498	1,092,318	
	Nm2020			Nm1819	Correia	Nm1143	
# 206,285		1,183,770	1,239,706	# 1,086,735		repeats	1,290,609
Nm220		Nm1255		Nm1139			
		142,196	144,763				
			Nm160				
590,283	1,907,294	721,054	# 1,369,654	595,277			
Nm613	Nm1970	Nm729	Nm1475	Nm618			

POOL 92

Figure 2B (Suite)

?	repeats	62,404	?	NmB2132			24,221
?	1,225,330	994,900	1,763,435	33,002	1,287,708	1,658,462	Nm29 repeats
	Nm1315	Nm1035	Nm1816		Nm1385		
491,378	1,103,537	170,104					
	Nm1152	Nm186					
788206		?		1,331,057	422,265	866,358	412,800
Nm804							Nm436
1,860,457	618,039		?	?	217,751		849,737
Nm1928					Nm229		
	1,648,062	239,013	979,379	625,475	1,720,495	178,214	?
		Nm255	Nm1016	Nm639	Nm1775	Nm195	

Figure 2B (Suite)

	966,344 Nm1001				NmB896	1,184,157 Nm1255	1,068,488 Nm1118
1,915,903 Nm1975							
314,780	967,253 Nm1002	1,873,509 Nm1940				265,540	1,257,099
	1,080,375	1,664,669 Nm1731	279,302 Nm293			1,101,935	2,179,156
		1,222,561 Nm1313	1,945,709 Nm2011	# 1,211,124 Nm1285	236,897 Nm251	# 575,138 Nm602	?
?			1,725,097 Nm1780α1781		?	1,859,281	1,413,563 Nm1518

Figure 2B (Suite)

	1,200,238		2,042,752	827,895	1,103,507		1,280,372
	Nm1272			Nm847	Nm1152		Nm1375
898,986	1,867,841	?		392,893	291,442		#319,551
Nm928	Nm1935				Nm298		
489,643						151,594	
						Nm165	
# 1,357,825	?						1,219,964
Nm1465							Nm1307
1,981,237			1,945,709	32,210		863,804	
Nm2040			Nm2011	Nm37		Nm890	
				745,456	?	265,348	1,559,590
				Nm753		Nm279	Nm1646

POOL 95

Figure 2B (Suite)

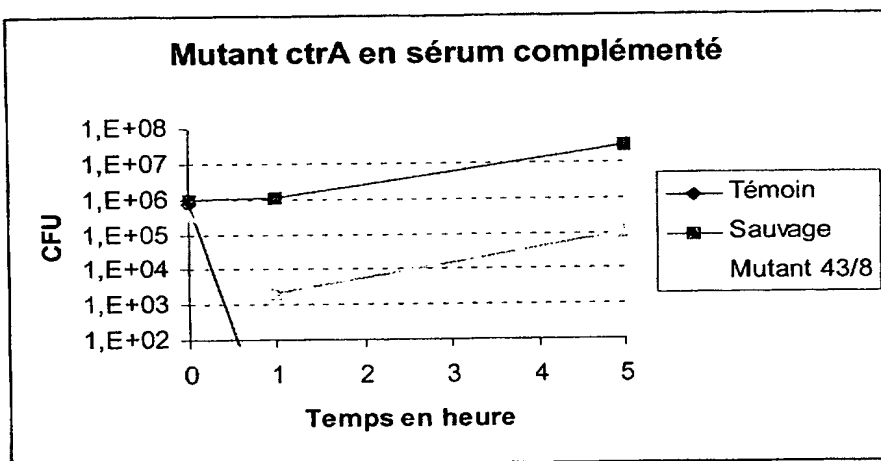
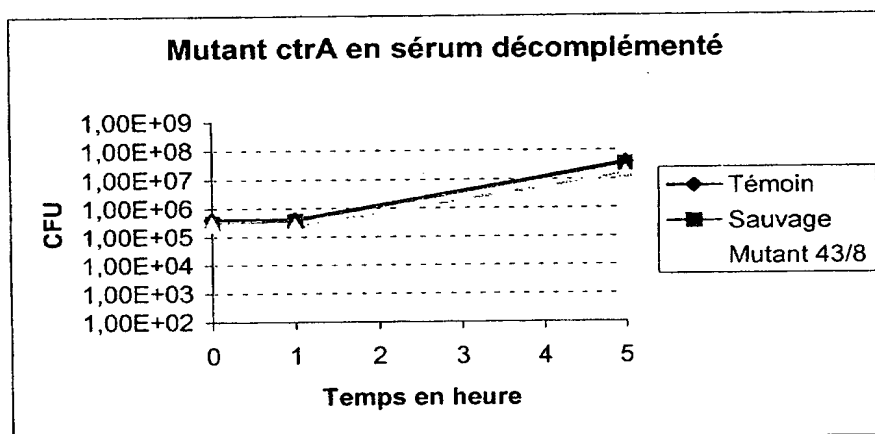
1,116,609	1,085,727	654,474		1,729,378		?	1,056,050
Nm1162	Nm1138			Nm1786			Nm1107
	1,487,870	596,933		1,509,295		1,728,474	927,970
		Nm619		Nm1603		Nm1785	Nm962
	?			2,038,850		572,193	1,654,720
						Nm490	Nm1723
						2,000,669	
1,890,936						Nm2054	618,041
	1,713,480	351,040		?		1,917,966	1,438,987
	Nm1767					744,040	Nm1542
			repeats			672,238	2,086,387
						Nm687	1,559,479
						Nm2137	

Figure 3

N° ORF <i>N.meningitidis</i> B / <i>N.meningitidis</i> A	Gènes identifiés	Mutants associés	Phénotype observé
NmB71/Nm198	<i>ctrA</i> , capsule export outer membrane protein	43/8	capsule +/-
NmB72/Nm197	<i>ctrB</i> , capsule export inner- membrane protein	40/45	capsule +/-
NmB73/Nm196	<i>ctrC</i> , capsule export inner- membrane protein	85/40	capsule +/-
NmB74/Nm195	<i>ctrD</i> , capsule export ATP- binding protein	93/47, 18/15	capsule +/-
NmB70	<i>siaA</i> , sialic acid biosynthesis protein	77/19	capsule -
NmB69	<i>siaB</i> , sialic acid biosynthesis protein	28/22	capsule +/-
	intergenic region <i>siaA-ctrA</i>	3/16	capsule +
NmB82/Nm186	<i>lipA</i> , capsule phospholipid modification protein	58/48, 41/29	capsule -
NmB83/Nm185	<i>lipB</i> , capsule phospholipid modification protein	19/14, 22/14, 80/24, 86/2, 29/41	capsule -
Nm1929/Nm524	<i>lgtA</i> , lacto-N-neotetraose biosynthesis glycosyl transferase	56/17, 21/21	lipooligosaccharide tronqué
NmB1926	<i>lgtE</i> , lacto-N-neotetraose biosynthesis glycosyl transferase	3/39	lipooligosaccharide tronqué
NmB1704/Nm198 <sub>5</sub>	<i>lgtF</i> , $\beta$ -1, 4- glucosyl transferase	71/8, 3/15, 23/19	lipooligosaccharide tronqué
NmB828/Nm1037	<i>rfaD</i> , ADP-L-glycero-D- mannoheptose epimerase	47/39, 7/30	lipooligosaccharide tronqué
NmB825/Nm1034	<i>rfaE</i> , ADP-heptose synthetase	13/6	lipooligosaccharide tronqué
NmB790/Nm1001	<i>pgm</i> , phosphoglucomutase	25/5, 94/2, 92/48	lipooligosaccharide tronqué
NmB638/Nm848	<i>galU</i> , UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase	32/37	lipooligosaccharide tronqué
Nm2076/Nm356	<i>aut</i> , possible cytidylyltransferase	55/48	lipooligosaccharide tronqué
NmB065	hypothetical protein	61/44, 77/4	capsule +/-
NmB352/Nm198 <sub>5</sub>	sugar isomerase	33/7	aucun

**Figure 4A**

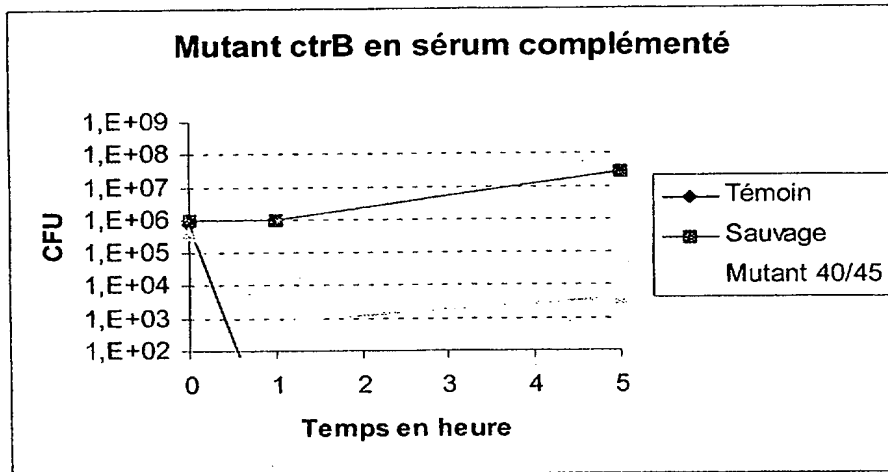
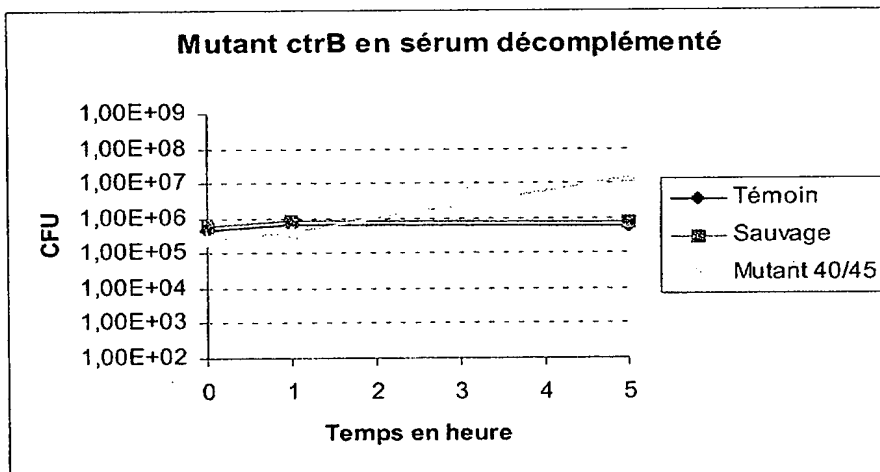
- *ctrA*, capsule export outer membrane protein (NmB71): mutant 43/8

**Figure 4B**



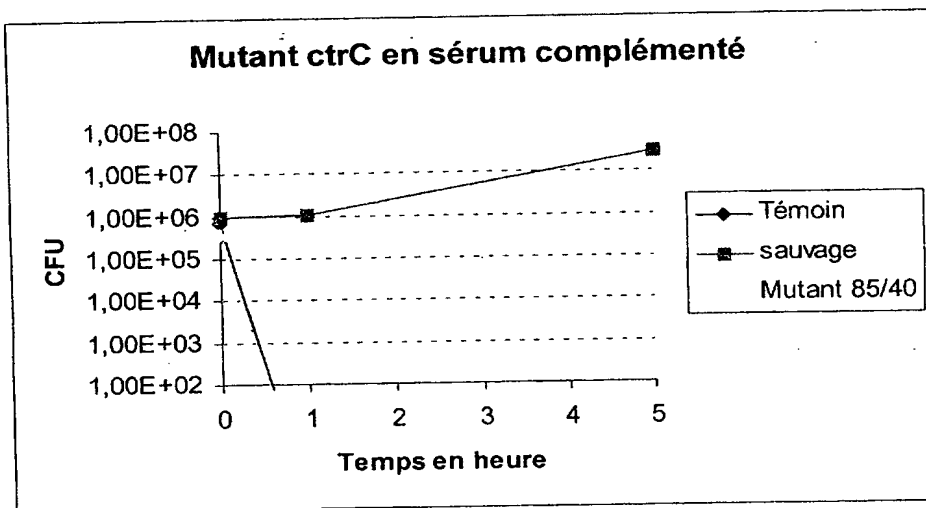
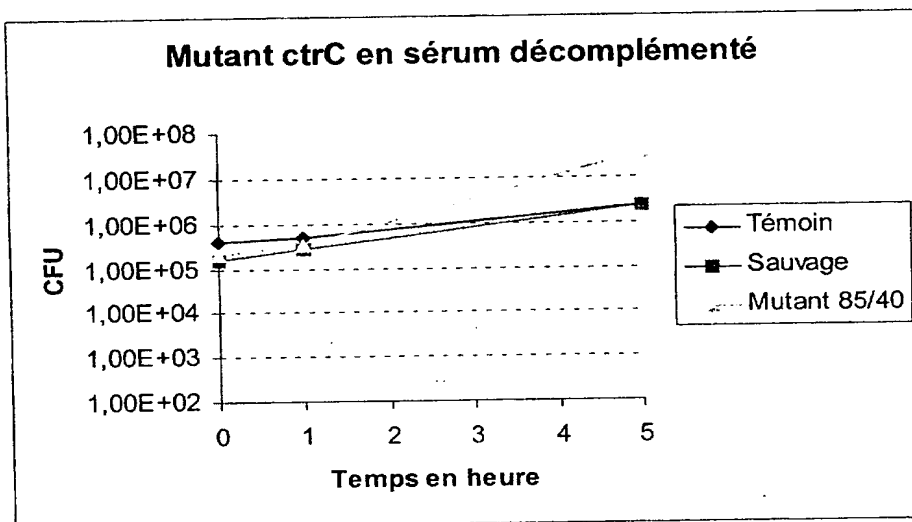
**Figure 5A**

- just ahead *ctrB*, capsule export inner-membrane protein (NmB72): mutant 40/45

**Figure 5B**

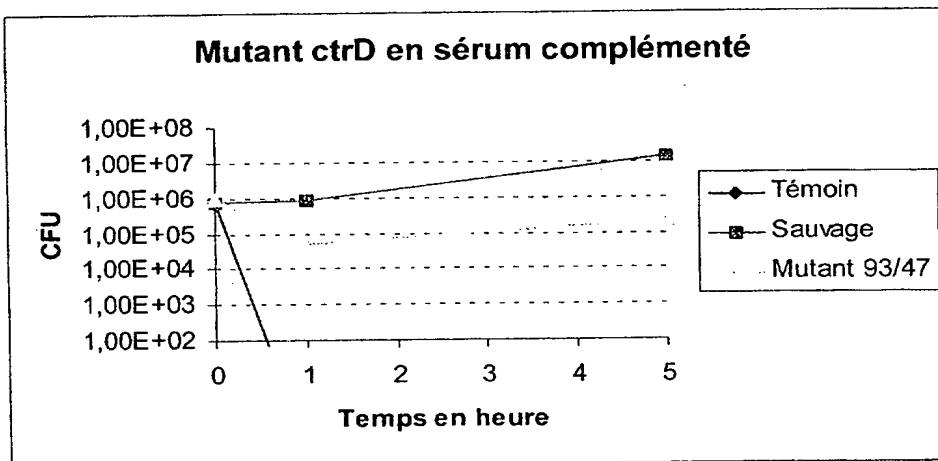
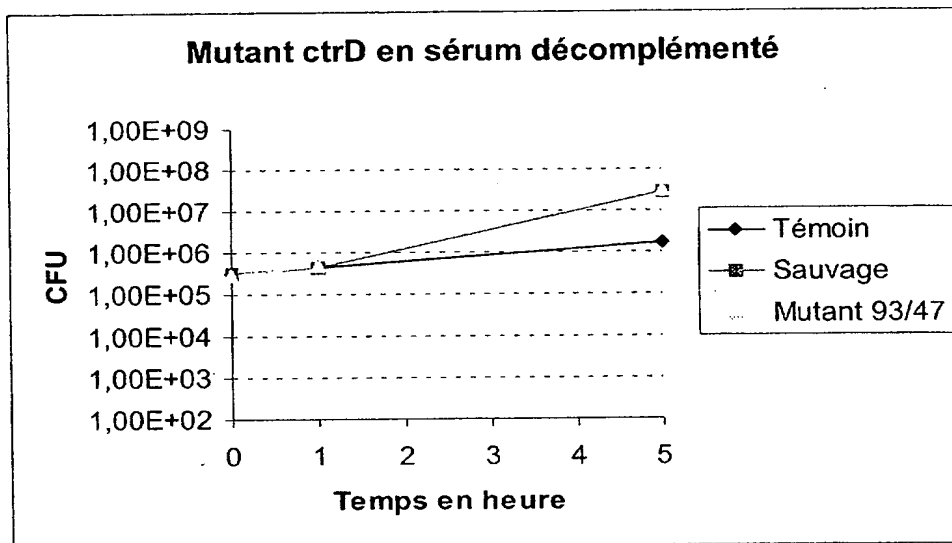
**Figure 6A**

□ *ctrC*, capsule export inner-membrane protein (NmB73): mutant 85/40

**Figure 6B**

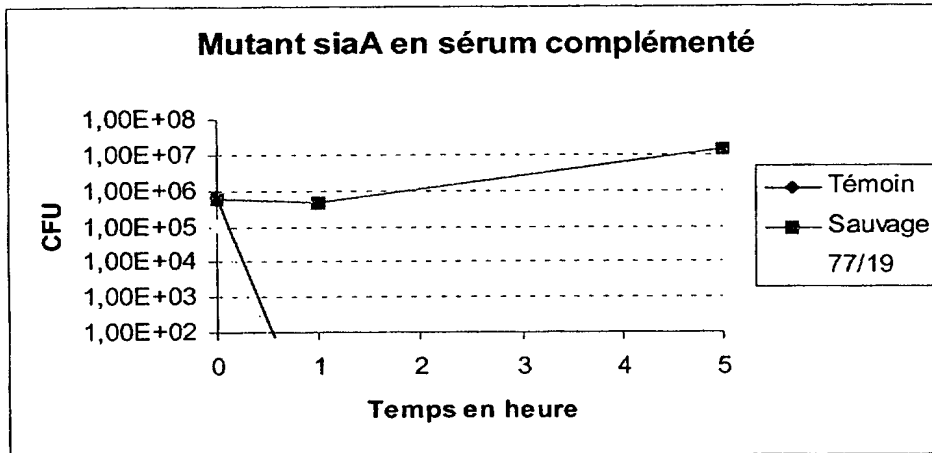
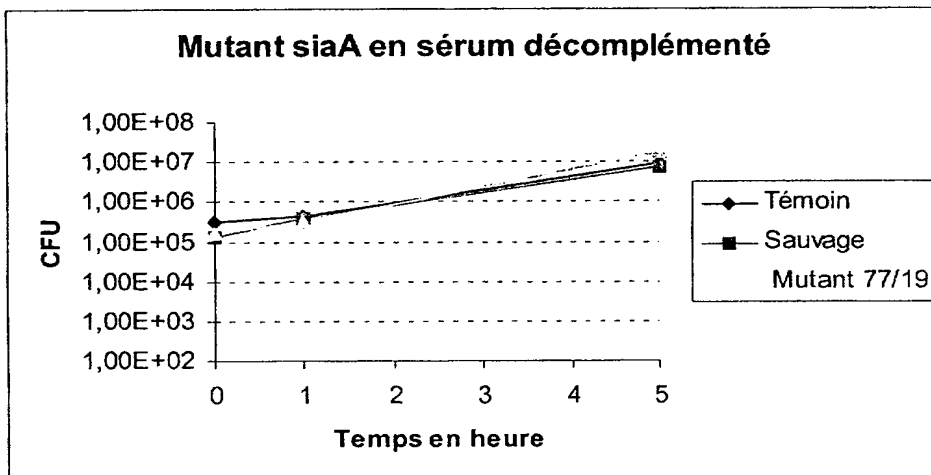
**Figure 7A**

□ *ctrD*, capsule export ATP-binding protein (NmB74) : mutant 93/47

**Figure 7B**

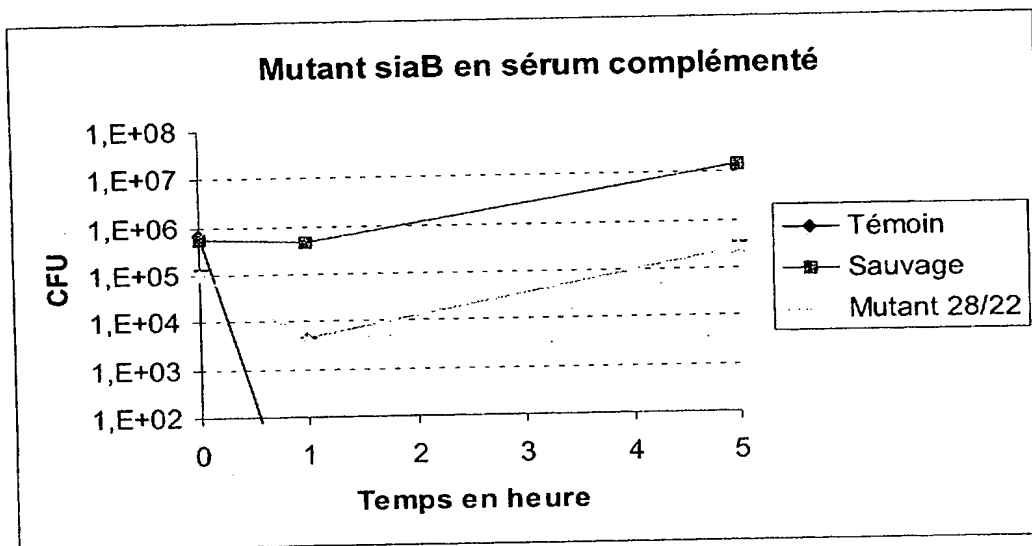
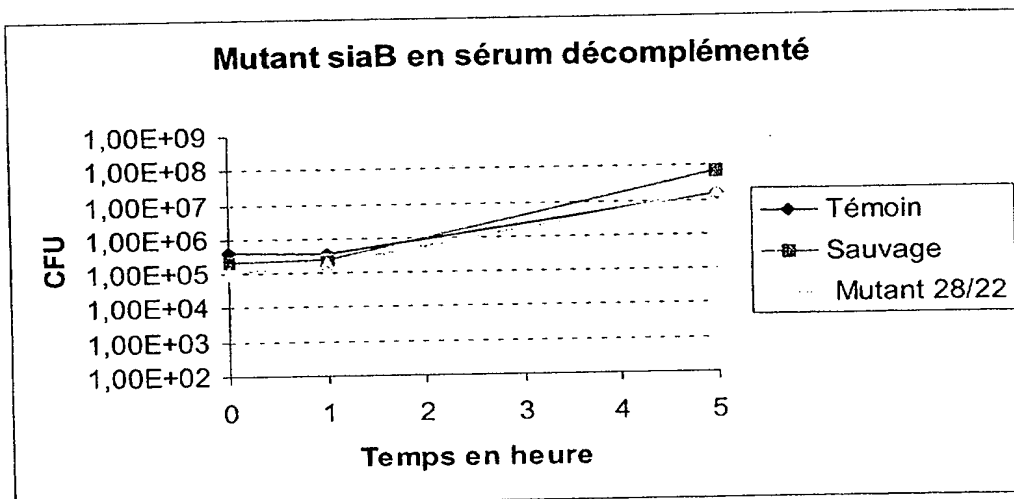
**Figure 8A**

□ *siaA*, sialic acid biosynthesis protein (NmB70) : mutant 77/19

**Figure 8B**

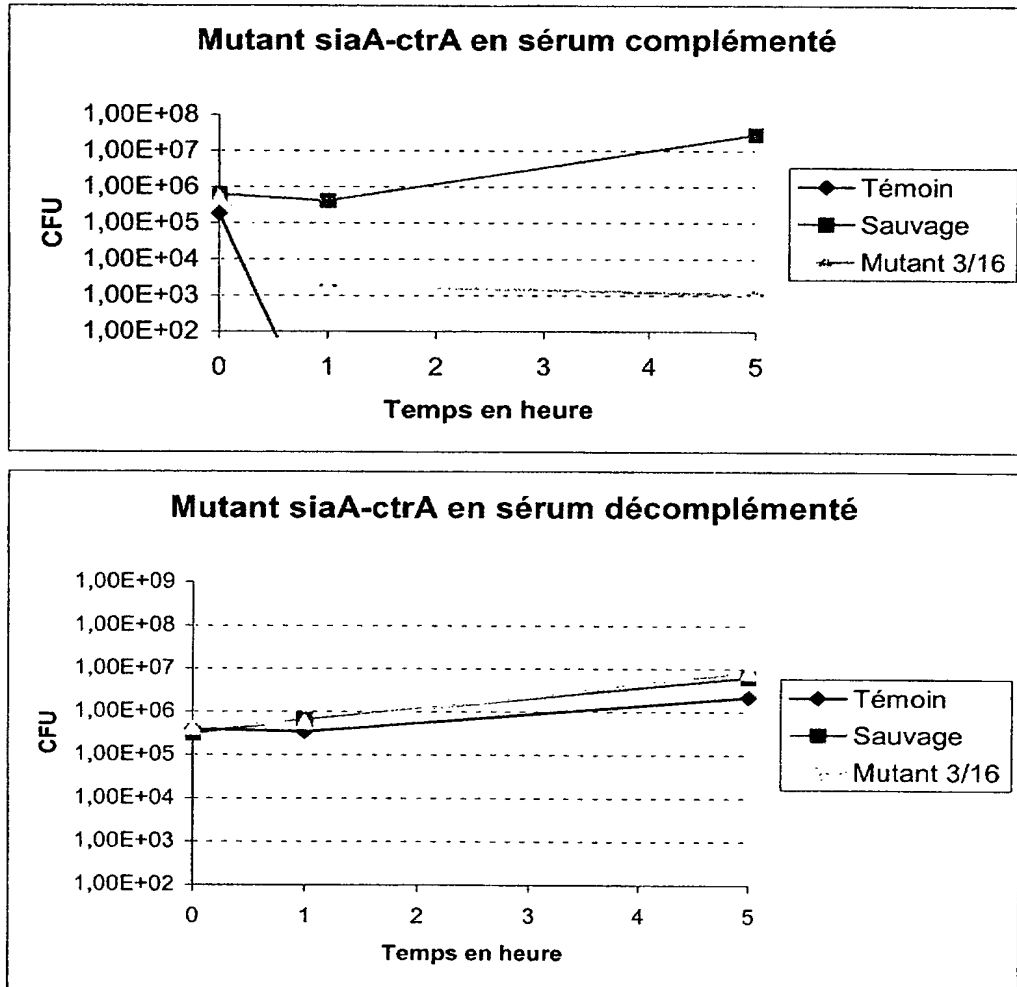
**Figure 9A**

□ *siaB*, sialic acid biosynthesis protein (NmB69) : mutant 28/22

**Figure 9B**

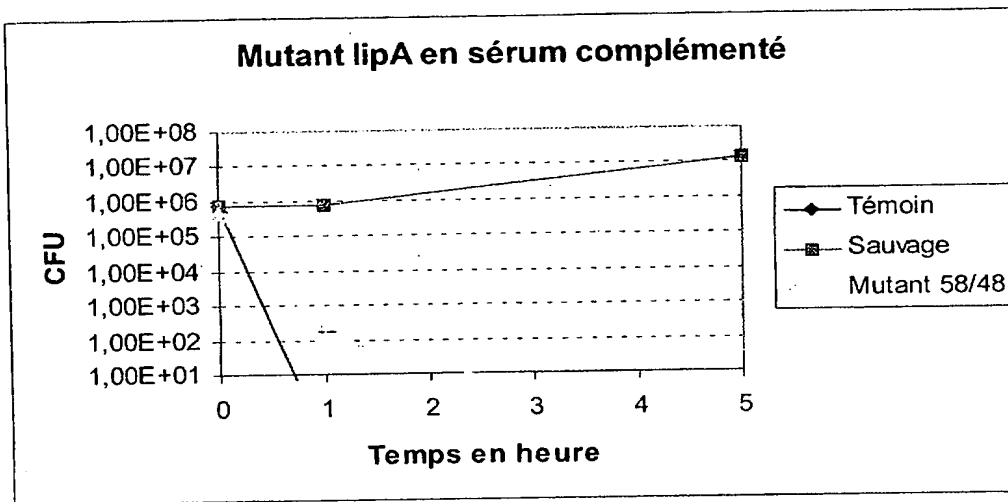
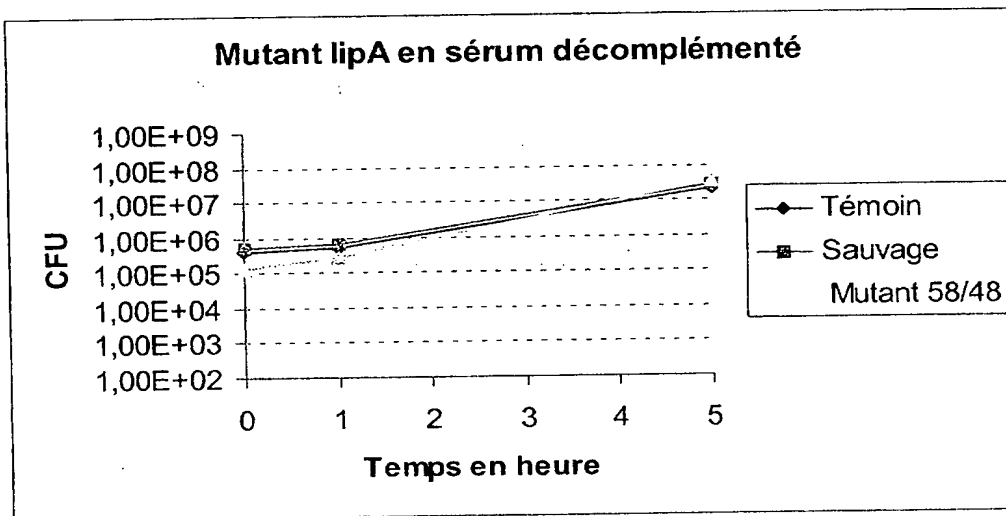
**Figure 10A**

□ *siaA-ctrA*, intergenic region: mutant 3/16

**Figure 10B**

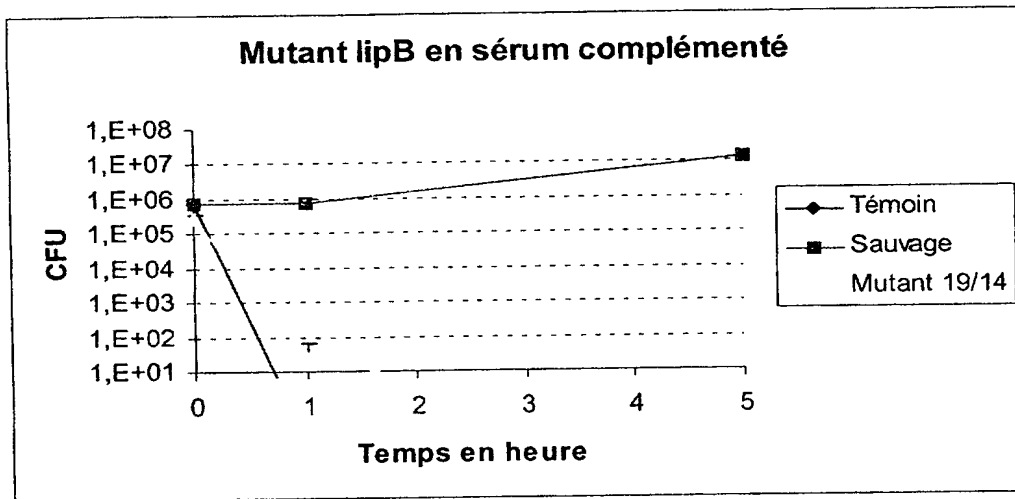
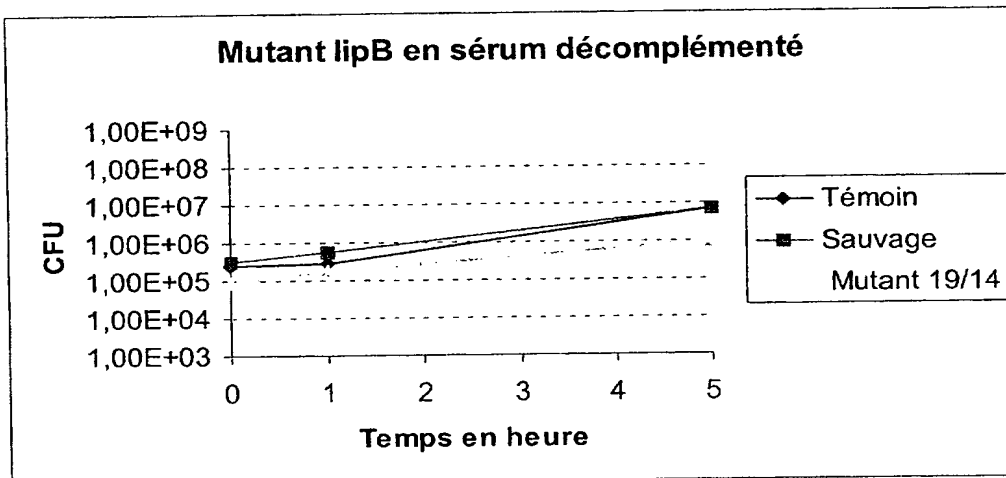
**Figure 11A**

□ *lipA*, capsule phospholipid modification protein (NmB82) : mutant 58/48

**Figure 11B**

**Figure 12A**

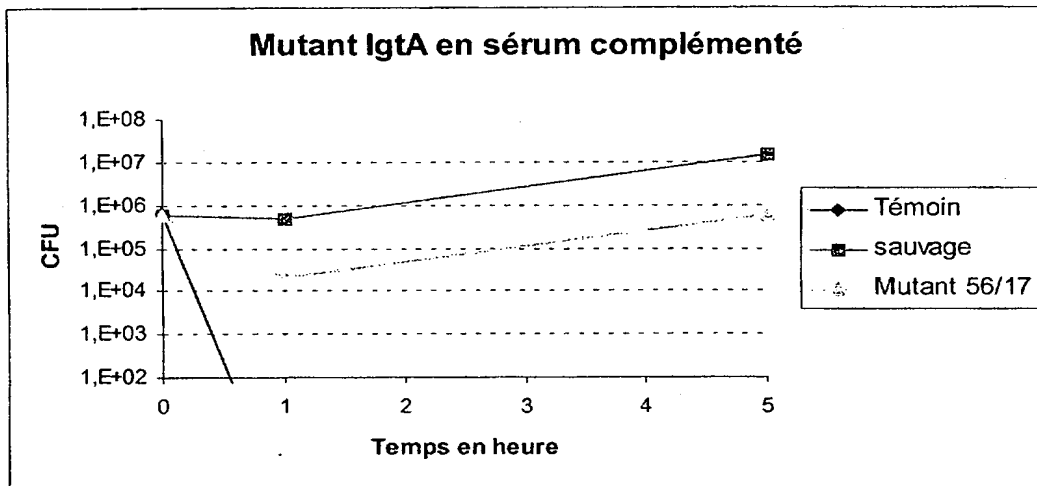
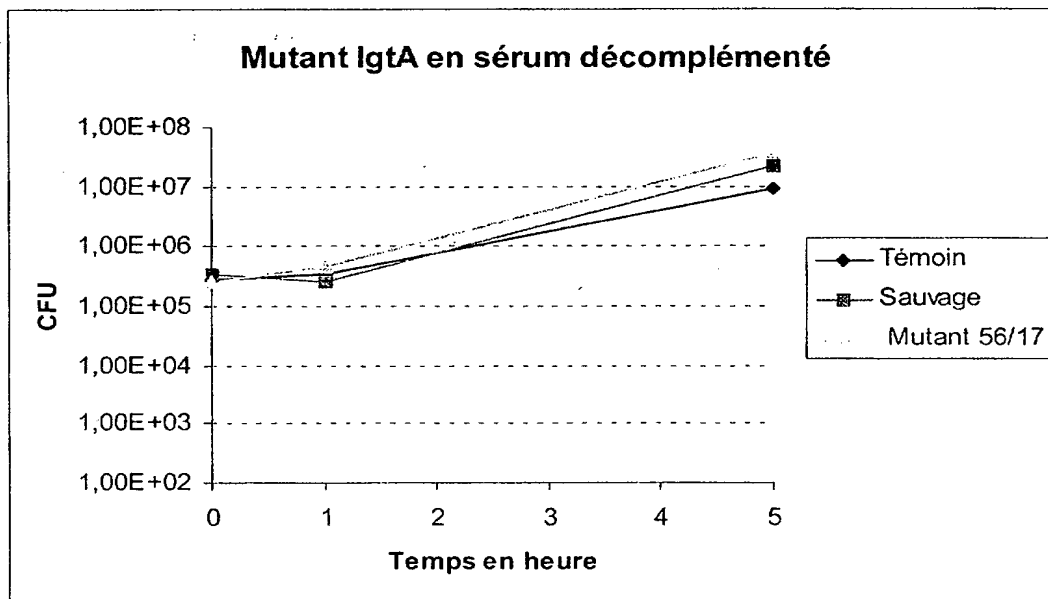
□ *lipB*, capsule phospholipid modification protein (NmB83): mutant 19/14

**Figure 12B**



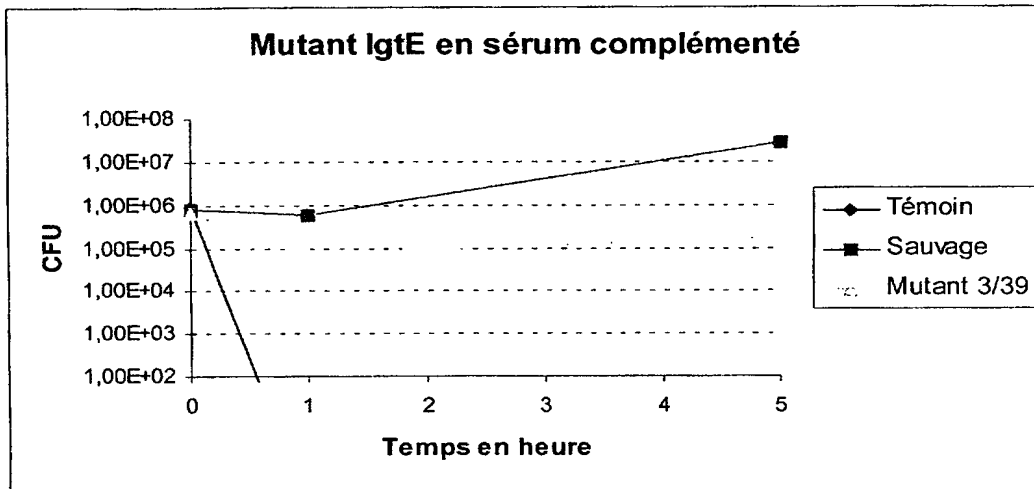
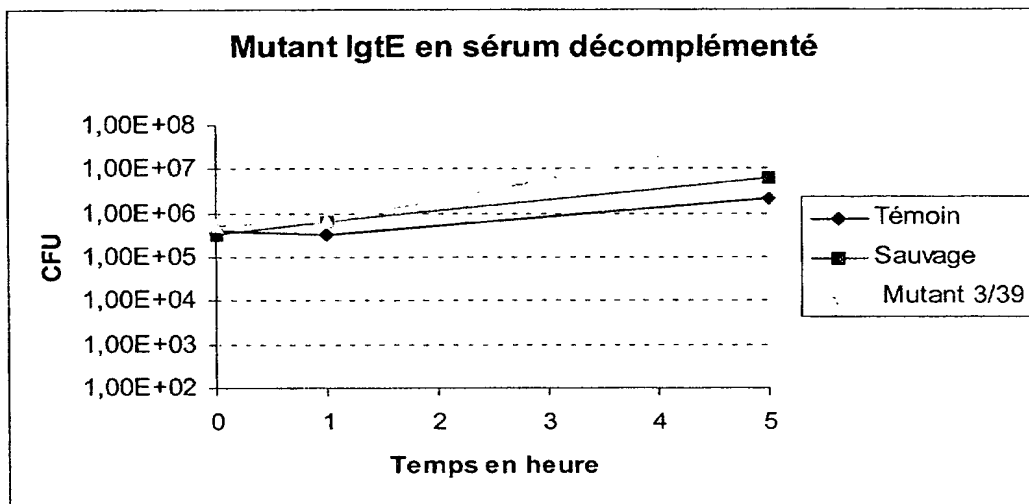
**Figure 13A**

- *lgtA*, lacto-N-neotetraose biosynthesis glycosyl transferase (NmB1929): mutant 56/17

**Figure 13B**

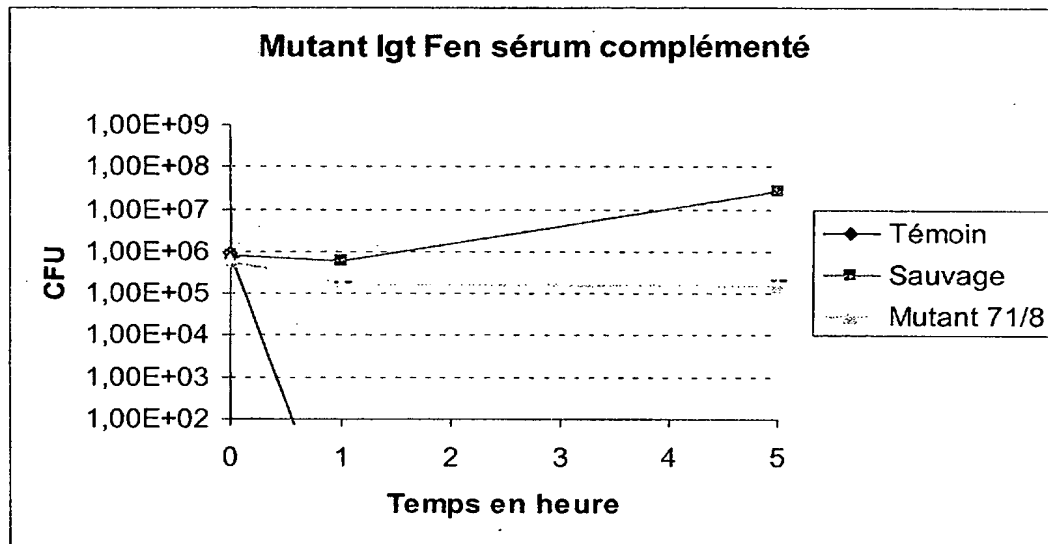
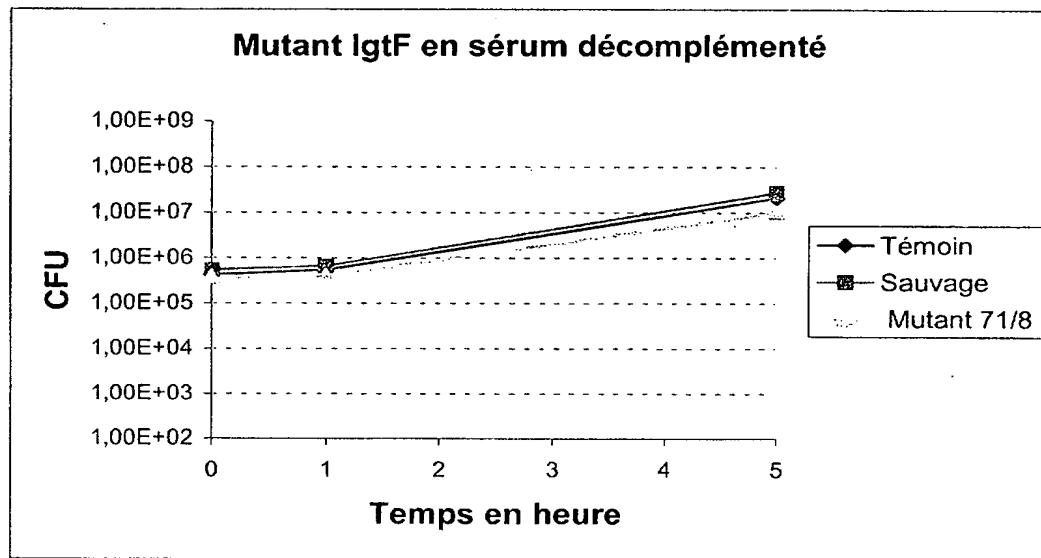
**Figure 14A**

- *lgtE*, lacto-N-neotetraose biosynthesis glycosyl transferase (NmB1926): mutant 3/39

**Figure 14B**

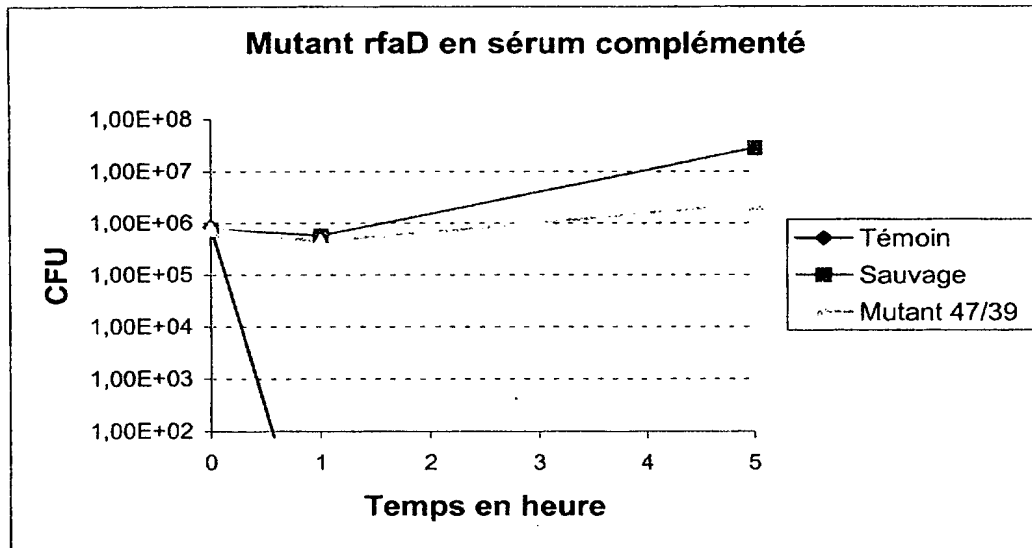
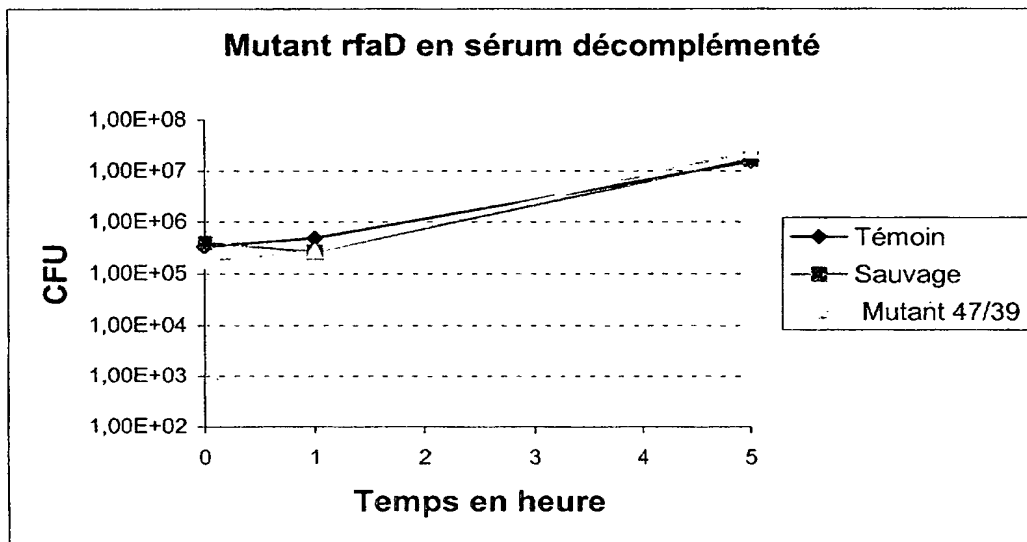
**Figure 15A**

□ *lgtF*, -1, 4- glucosyl transferase (NmB1704): mutant 71/8

**Figure 15B**

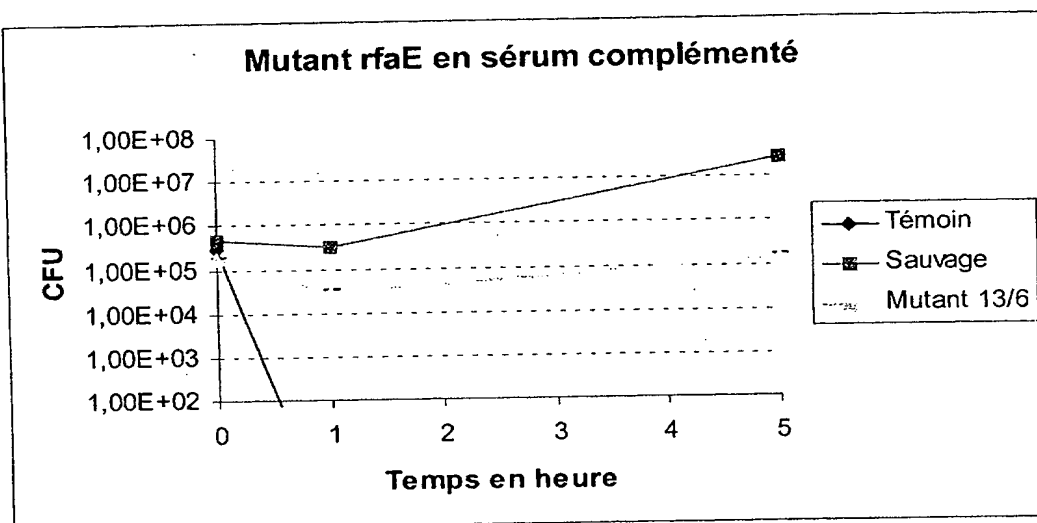
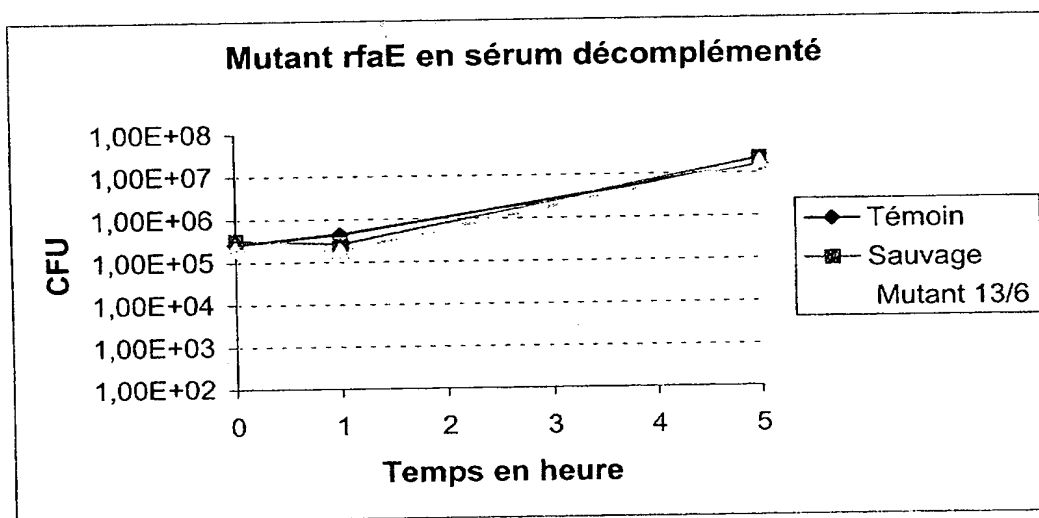
**Figure 16A**

□ *rfaD*, ADP-L-glycero-D-mannoheptose epimerase (NmB828): mutant 47/39

**Figure 16B**

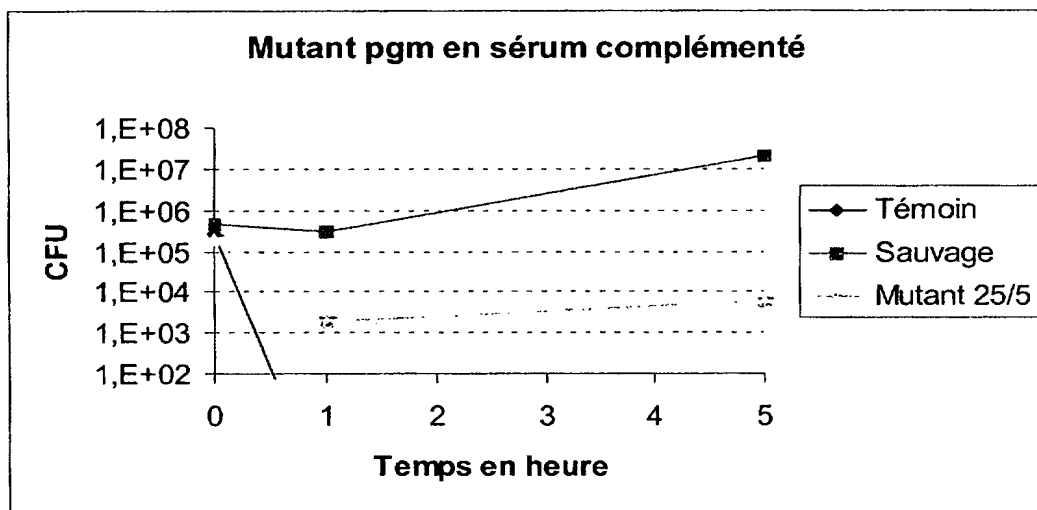
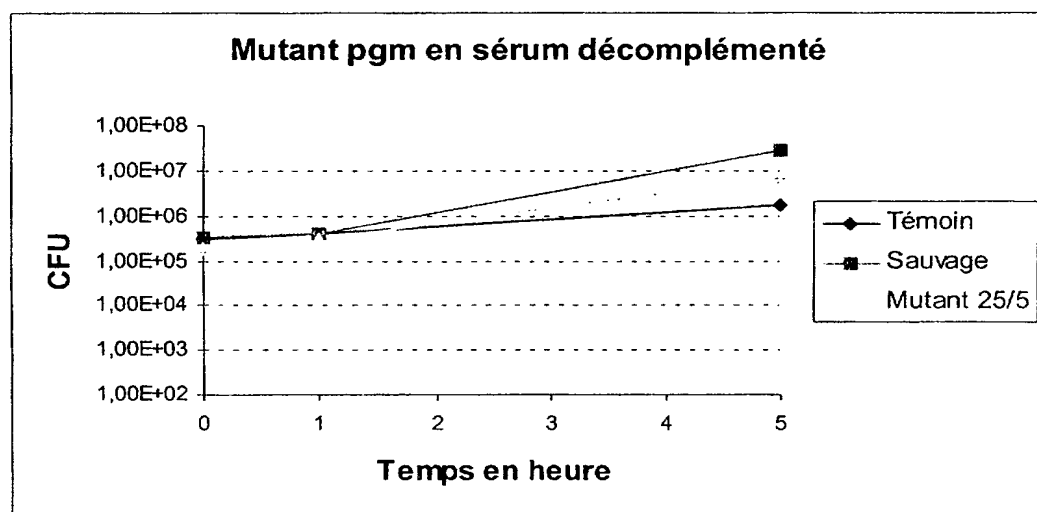
**Figure 17A**

□ *rfaE*, ADP-heptose synthetase (NmB825) : mutant 13/6

**Figure 17B**

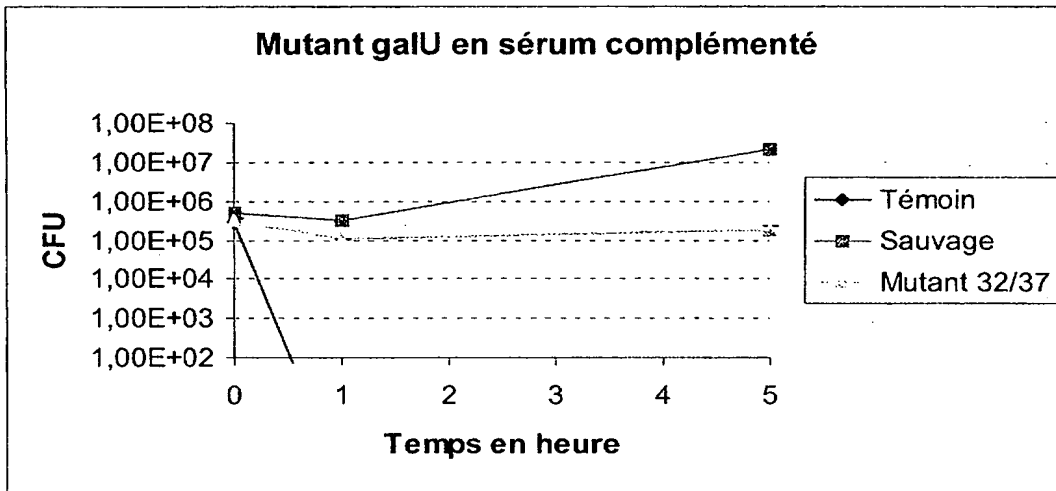
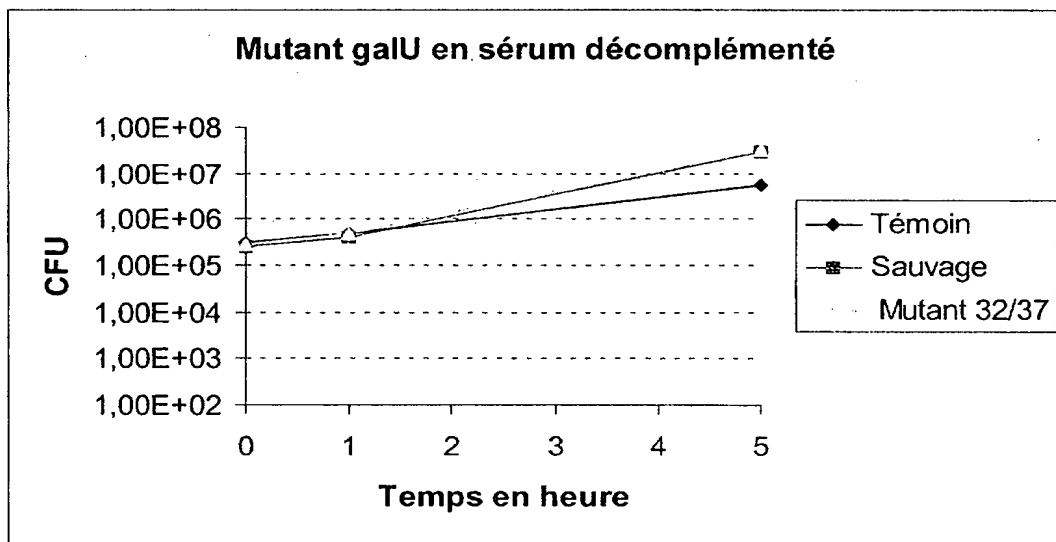
**Figure 18A**

□ *pgm*, phosphoglucomutase (NmB790): mutant 25/5

**Figure 18B**

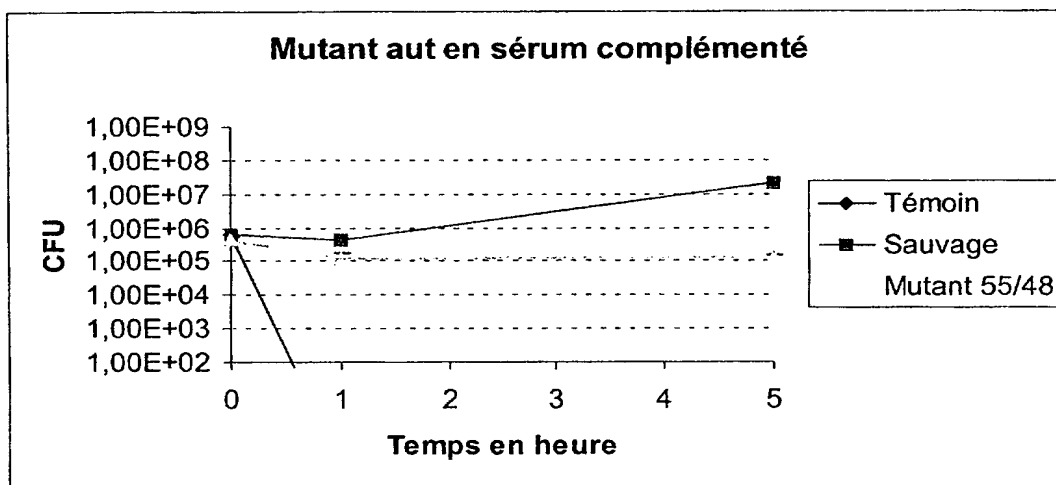
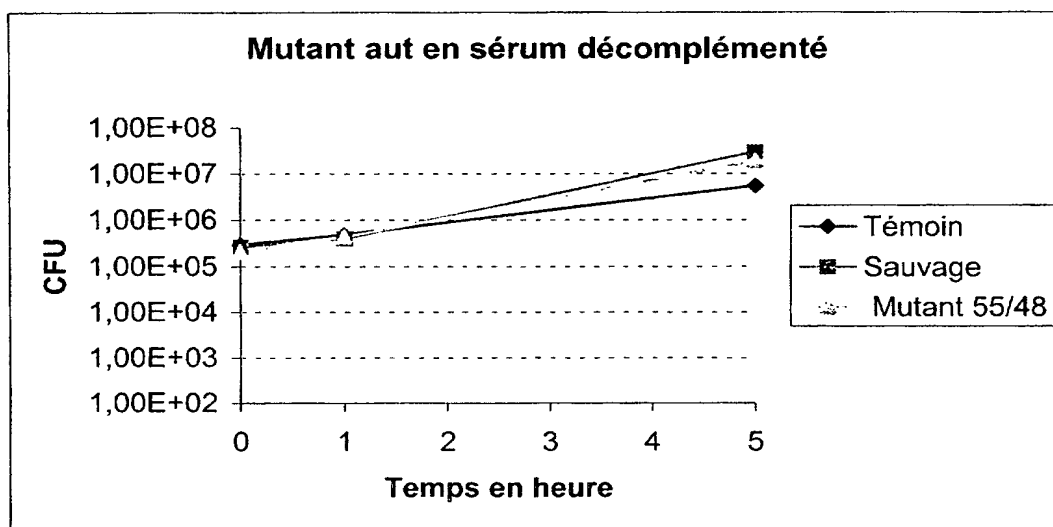
**Figure 19A**

□ *galU*, UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase (NmB638): mutant 32/37

**Figure 19B**

**Figure 20A**

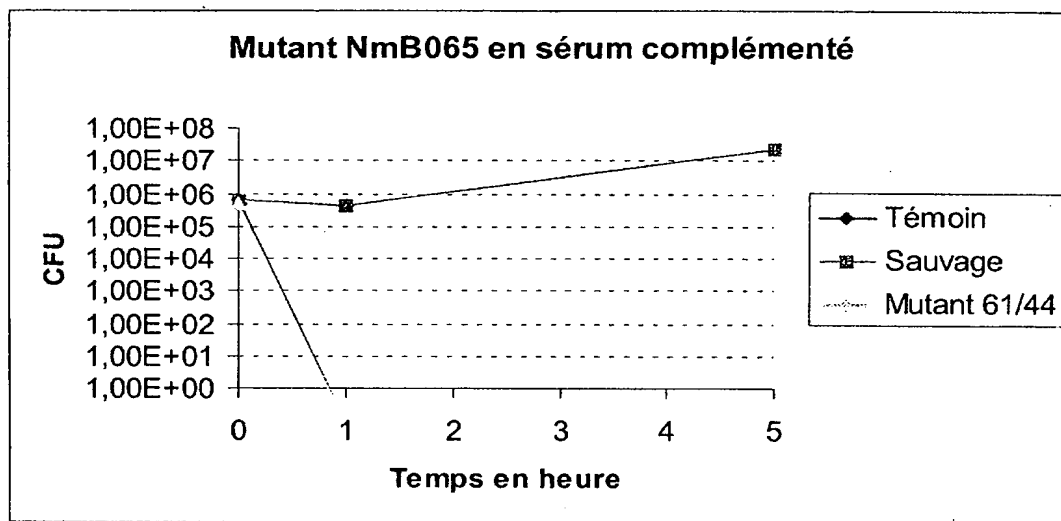
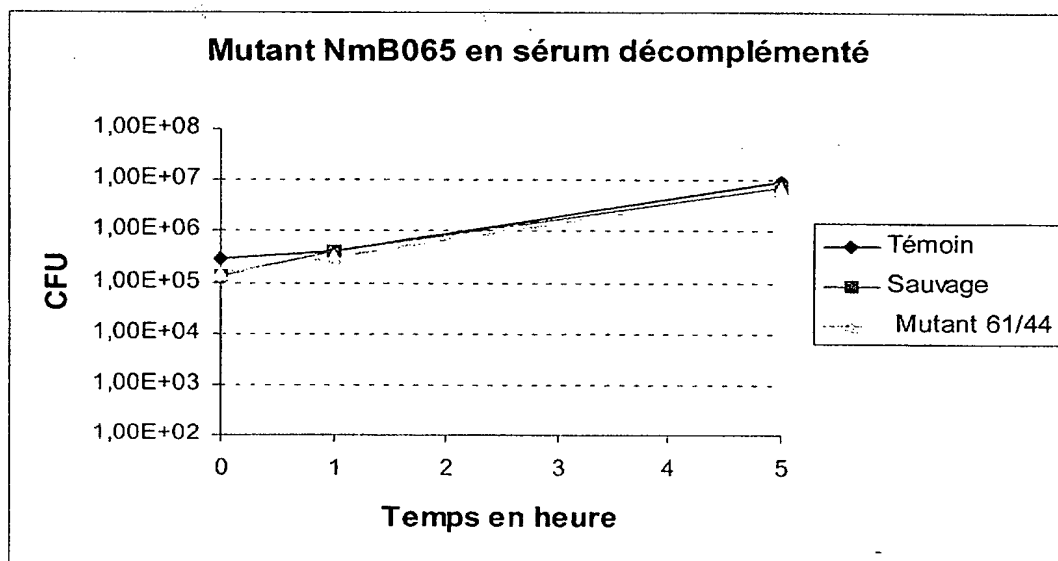
□ *aut*, possible cytidyltransferase (NmB2076) : mutant 55/48

**Figure 20B**



**Figure 21A**

□ hypothetical protein (NmB065): mutant 61/44

**Figure 21B**

**Figure 22A**

□ just ahead sugar isomerase (NmB352): mutant 33/7

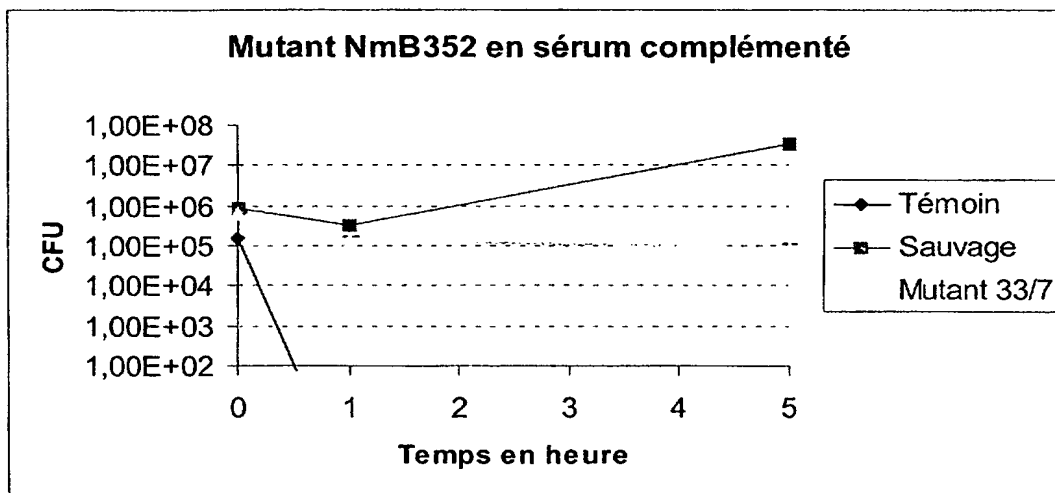
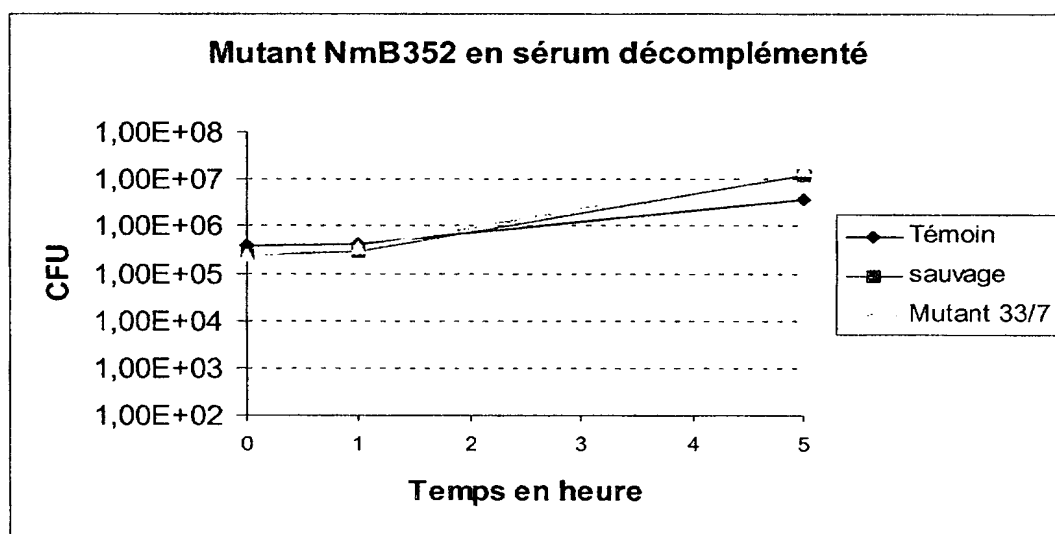
**Figure 22B**

Figure 23A

□ gène inconnu: mutant 63/19

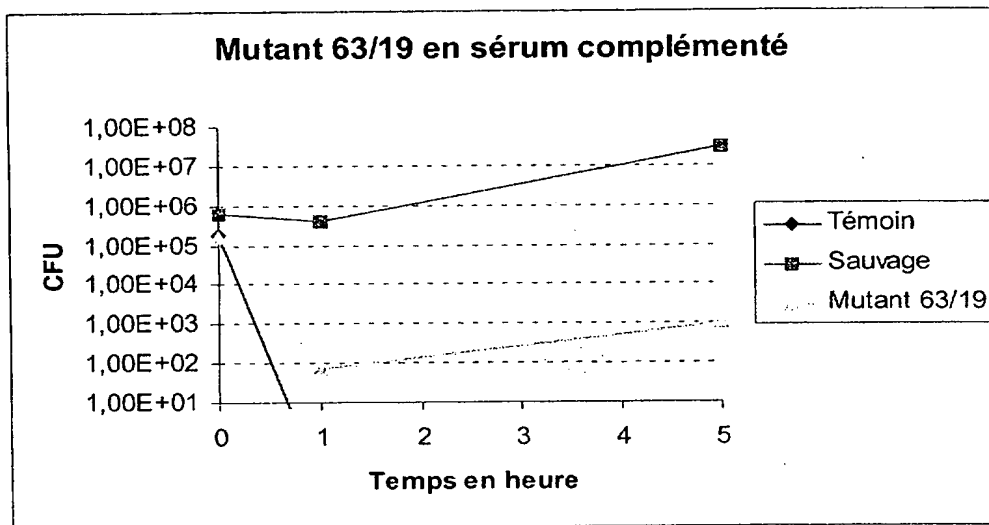
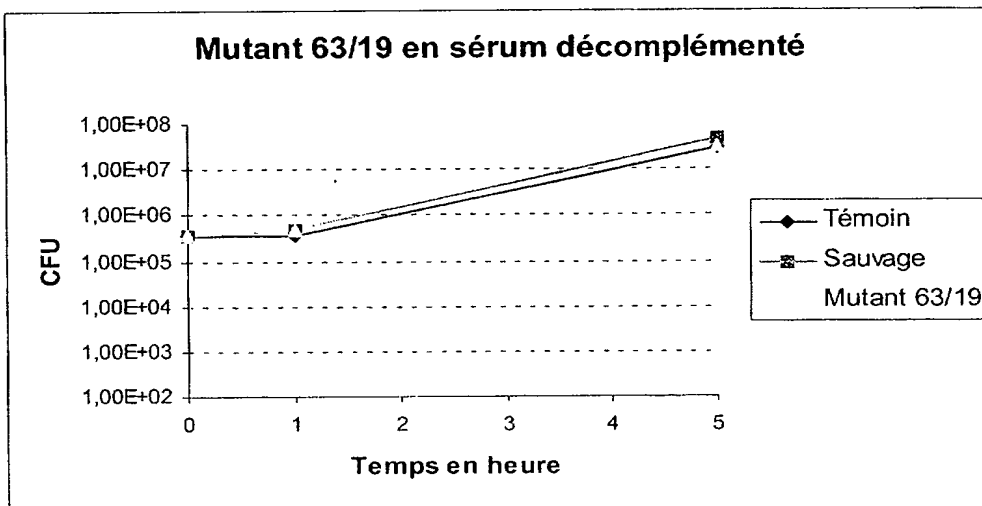
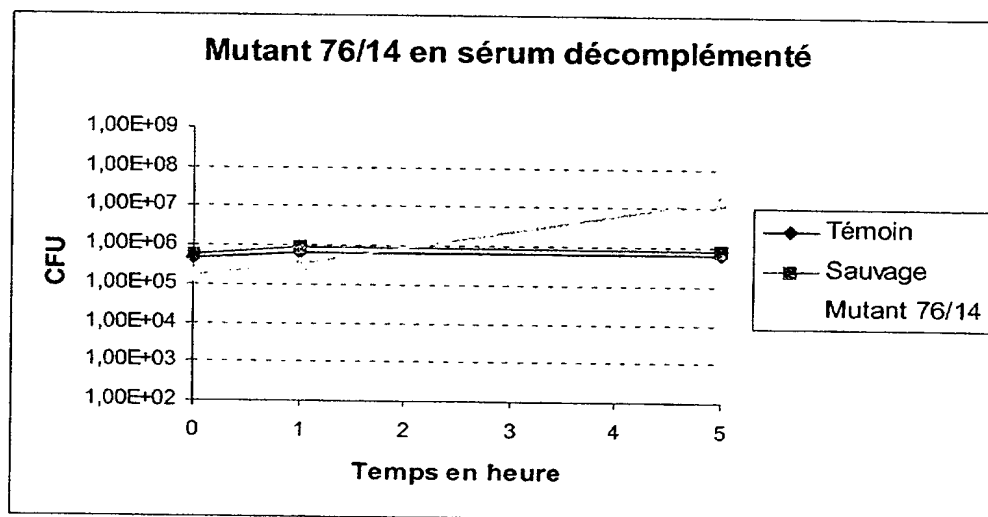
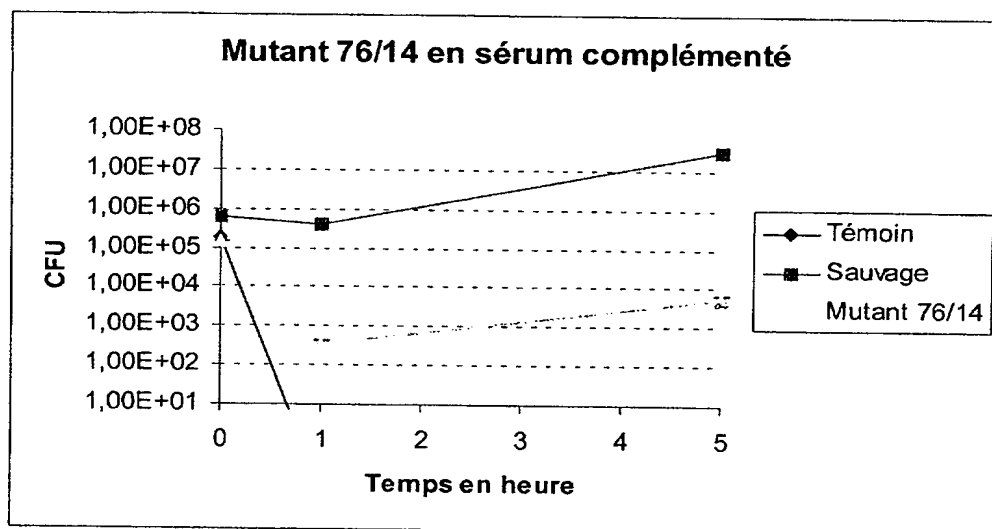


Figure 23B



**Figure 24A**

□ gène inconnu: mutant 76/14

**Figure 24B**



# BREVET D'INVENTION

## CERTIFICAT D'UTILITÉ

Code de la propriété intellectuelle - Livre VI

  
N° 11235\*02

## DÉPARTEMENT DES BREVETS

26 bis, rue de Saint Pétersbourg

75800 Paris Cedex 08

Téléphone : 01 53 04 53 04 Télécopie : 01 42 93 59 30

DÉSIGNATION D'INVENTEUR(S) Page N° 1. / 1.

(Si le demandeur n'est pas l'inventeur ou l'unique inventeur)

Cet imprimé est à remplir lisiblement à l'encre noire

DB 113 W / 260899

<b>Vos références pour ce dossier</b> (facultatif)		CP/AC 60639-1515	
<b>N° D'ENREGISTREMENT NATIONAL</b>		0204166	
<b>TITRE DE L'INVENTION</b> (200 caractères ou espaces maximum)  MOYENS POUR IDENTIFIER DES GENES SPECIFIQUES DE NEISSEIRIA MENINGITIDIS			
<b>LE(S) DEMANDEUR(S) :</b>  I.N.S.E.R.M.			
<b>DESIGNE(NT) EN TANT QU'INVENTEUR(S) :</b> (Indiquez en haut à droite «Page N° 1/1» S'il y a plus de trois inventeurs, utilisez un formulaire identique et numérotez chaque page en indiquant le nombre total de pages).			
Nom		NASSIF	
Prénoms		Xavier	
Adresse	Rue	1, Square Charles Laurent	
	Code postal et ville	75015	PARIS
Société d'appartenance (facultatif)			
Nom		PELICIC	
Prénoms		Vladimir	
Adresse	Rue	10, rue Frédéric Magisson	
	Code postal et ville	75015	PARIS
Société d'appartenance (facultatif)			
Nom			
Prénoms			
Adresse	Rue		
	Code postal et ville		
Société d'appartenance (facultatif)			
<b>DATE ET SIGNATURE(S)</b> <b>DU (DES) DEMANDEUR(S)</b> <b>OU DU MANDATAIRE</b> (Nom et qualité du signataire) Mandataire : Chantal PEAUCELLE n° 92-1189 Le 18 septembre 2002			

La loi n°78-17 du 6 janvier 1978 relative à l'informatique, aux fichiers et aux libertés s'applique aux réponses faites à ce formulaire. Elle garantit un droit d'accès et de rectification pour les données vous concernant auprès de l'INPI.

***This Page Blank (uspto)***